

Logical Observation Identifiers Names and Codes (LOINC®)

Manuale Utente LOINC

A cura di:

Clem McDonald, MD, Stan Huff, MD,
Jamalynne Deckard, MS, Katy Holck, MPH, Daniel J. Vreeman, PT, DPT

Inviare domande e commenti a:

loinc@regenstrief.org

Copyright © 1995-2015

Regenstrief Institute, Inc. Logical Observation Identifiers Names and Codes (LOINC) Committee
All rights reserved.

loinc.org

Traduzione in Italiano a cura di

LOINC Italia, Consiglio Nazionale delle Ricerche
Istituto di Informatica e Telematica
Rende (CS)

Nota metodologica alla traduzione

La traduzione in italiano della LOINC Users' Guide è stata realizzata cercando di trovare sempre soluzioni di mediazione tra le peculiarità proprie dello standard e le esigenze di adattamento nel contesto italiano. La principale scelta metodologica ha riguardato la decisione di tradurre in italiano anche le convenzioni di denominazione “proprie” dello standard (ad es. nomi dei sei assi principali LOINC) perché si è ritenuto potessero così risultare più utili nel processo di comprensione ed utilizzo dello stesso. Ad ogni modo, laddove la lingua inglese è funzionale a mantenere la specificità dello standard, è stata sia mantenuta la versione originale in lingua inglese che proposta la corrispondente traduzione in italiano (ad es. Nomi Brevi LOINC).

Sommario

Nota di copyright e licenza.....	vii
1 Introduzione.....	1
1.1 Ringraziamenti.....	2
1.2 Che cosa non fa parte del nome	3
1.3 Scopo di LOINC.....	4
2 Parti principali di un termine LOINC.....	5
2.1 Convenzioni generali di denominazione.....	7
2.1.1 <i>Abbreviazioni nei nomi del Component/analita</i>	7
2.1.2 <i>Regole generali di denominazione per il Component (analita)</i>	7
2.1.3 <i>Punteggiatura nei nomi di analita</i>	8
2.1.4 <i>Uso maiuscole/minuscole</i>	9
2.1.5 <i>Numeri romani vs. Numeri arabi</i>	9
2.1.6 <i>Esonenti</i>	9
2.1.7 <i>Uso della barra (/)</i>	9
2.1.8 <i>Uso di parentesi graffe {} nei nomi LOINC</i>	9
2.2 Component/analita (prima parte)	10
2.2.1 <i>Nome dell'Analita (prima sottoparte)</i>	10
2.2.2 <i>Test di provocazione (seconda sottoparte)</i>	12
2.2.3 <i>Adattamenti/Correzioni (terza sottoparte)</i>	16
2.2.4 <i>La distinzione di valori multipli per qualsiasi prova tramite il nome del test (quarta sottoparte)</i>	17
2.3 Tipo di Property (anche chiamato tipo di quantità) (Seconda parte)	17
2.3.1 <i>Proprietà quantitative</i>	17
2.3.2 <i>Proprietà qualitative</i>	19
2.3.3 <i>Ulteriori esempi di proprietà LOINC</i>	20
2.4 Tempo di misurazione (Punto o momento nel tempo vs. intervallo di tempo) (terza parte)	23
2.4.1 <i>Modificatore dell'Aspetto del Tempo</i>	25
2.5 Tipo di System (Campione) (quarta parte)	25
2.5.1 <i>Questioni particolari relativi a XXX come System</i>	27
2.5.2 <i>Super System (seconda sottoparte)</i>	28
2.6 Tipo di Scale (quinta parte)	29
2.6.1 <i>Quantitativo (Qn)</i>	29
2.6.2 <i>Ordinale (Ord)</i>	29
2.6.3 <i>Quantitativo/Ordinale (OrdQn)</i>	29
2.6.4 <i>Nominale (Nom)</i>	30
2.6.5 <i>Narrativo (Nar)</i>	30
2.6.6 <i>Multi</i>	30
2.6.7 <i>Documento (Doc)</i>	30
2.7 Tipo di Metodo (Sesta parte)	31
2.7.1 <i>Metodi per identificare acidi nucleici</i>	32
2.7.2 <i>Test immunologici</i>	34
2.7.3 <i>Metodi di immunoblot e Line blot</i>	35
2.7.4 <i>Coagulazione</i>	35
2.7.5 <i>Colorazioni</i>	35
2.7.6 <i>Substrati usati per la misurazione dell'attività enzimatica</i>	35
2.7.7 <i>Metodi "Limite di rivelabilità"</i>	35
2.7.8 <i>Metodo "Conferma" per test non tossicologici</i>	36
2.7.9 <i>Questioni speciali con metodi per misurazioni cliniche</i>	36
2.7.10 <i>Studi di Imaging</i>	36
3 Casi Speciali	37
3.1 Risultati visti come variabili oppure come valori	37
3.1.1 <i>Valore</i>	37
3.1.2 <i>Approccio variabile (Scelta Multipla)</i>	37
3.2 Banca del sangue	38
3.2.1 <i>Refertazione dei dati sotto forma di panel</i>	38
3.2.2 <i>Refertazione dei dati sotto forma di risposta multipla</i>	38
3.3 Studi sulla immunocompetenza (citometria a flusso)	39
3.3.1 <i>Numero di celle contenenti il marcatore</i>	39

3.3.2 Percentuale di cellule contenenti il marcatore	39
3.3.3 Specifica della popolazione di cellule genitori	39
3.4 Microbiologia	39
3.4.1 Colture microbiologiche	40
3.4.2 Proprietà per termini di coltura	42
3.4.3 Identificazione di microrganismi basata su target di acido nucleico	42
3.5 Suscettibilità antimicrobiche	42
3.5.1 Soglie di suscettibilità basate sul tipo di infezione ("Breakpoint")	43
3.5.2 Test di resistenza genotipica e suscettibilità prevista	44
3.6 Conte cellulari	44
3.7 Esami della pelle	45
3.8 Tossicologia – Screening e conferma per sostanze di abuso	45
3.8.1 Gruppi di farmaci in Tossicologia	46
3.8.2 Soglie di discriminazione (Cutoffs)	47
3.8.3 Refertazione del metodo usato per screen e conferma	48
3.8.4 Risultati di esami per singolo farmaco/metabolita	48
3.8.5 Questioni che riguardano la denominazione	49
3.8.6 Riassunto	49
3.9 Assegnazione dei nomi LOINC per la Genetica Molecolare	49
3.9.1 Introduzione	49
3.9.2 Breve panoramica sulla terminologia della genetica molecolare	50
3.9.3 Background sui metodi di testing per la Genetica Molecolare	50
3.9.4 Regole generali per la denominazione in genetica molecolare	51
3.9.5 Malattie infettive	53
3.9.6 Malattie genetiche	53
3.9.7 Test per identità	59
3.9.8 Genetica Tumorale	60
3.10 Nomenclatura di antigene e allele HLA	60
3.11 Test allergologici	61
3.11.1 Le regole di denominazione per gli allergeni	62
4 Osservazioni e misurazioni cliniche	62
4.1 Introduzione	62
4.2 Atomico vs. molecolare (nomi pre-coordinati)	65
4.3 Referti di Radiologia	65
4.4 Registro tumori	66
5 Claims Attachments	66
6 LOINC Document Ontology	67
6.1 Introduzione all'uso di codici per tipo di documento	68
6.2 Rapporti con altri standard	68
6.2.1 HL7	68
6.3 Elementi dei codici Tipo di Documento	69
6.3.1 Tipo di documento	69
6.3.2 Tipo di Servizio	70
6.3.3 Setting	73
6.3.4 Subject Matter Domain (SMD) – Dominio di materia in Oggetto	73
6.3.5 Ruolo	76
6.4 Regole per la creazione di note cliniche da componenti multipli	77
6.5 Contenuto della Document Ontology nella Distribuzione LOINC	79
6.6 Lavori Futuri	79
6.7 Proporre nuovi termini LOINC per documenti	79
7 Panel (Batterie)	80
7.1 Obiettivi	81
7.2 Tipi di risultati nei panel	81
7.2.1 Misurazioni o osservazioni primarie	81
7.2.2 Osservazioni derivate	82
7.2.3 Richieste Ask at order entry (AOE) e altre osservazioni associate	82
7.2.4 Impressioni, interpretazioni e commenti	82
7.3 Regole LOINC per la rappresentazione dei nomi dei Panel	82

7.3.1 Component.....	82
7.3.2 Property e Scale	83
7.3.3. Misurazione del Tempo e System	83
7.3.4 Alcuni esempi di Panel LOINC (Nomi del set d'Ordine):	83
7.4 Rappresentazione della condizionalità.....	83
7.4.1 Test sul lupus anticoagulante (LA) come esempio di condizionalità complessa.....	85
7.5. Approccio alla creazione e definizione di panel distinti in LOINC	86
7.5.1 Approccio generale	86
7.5.2 Preferenza per le definizioni dei panel senza l'utilizzo di un metodo	87
7.5.3 Casi particolari in cui l'enumerazione dei sottoelementi non è funzionale	88
8 Regole in via di definizione per la denominazione delle collezioni.....	88
8.1 Obiettivi e approccio generale	88
8.2. Collezioni come ordini e osservazioni	89
8.3 SCALA LOINC per collezioni	90
9 Contenuto aggiuntivo nella Distribuzione LOINC	90
9.1 Attributi aggiuntivi dei termini LOINC	90
9.1.1 Nomi.....	90
9.1.2 Classi.....	93
9.1.3 La classificazione dei termini LOINC come ordine, osservazione o entrambi	93
9.1.4 Osservazioni associate	94
9.1.5 Ask-at-order-entry (AOE).....	94
9.1.6 Termini collegati.....	94
9.2 LOINC Risposte ed Elenchi di risposte	95
9.2.1 Valori nulli negli elenchi di risposta LOINC.....	96
9.3 Parti LOINC e Gerarchie delle Parti	96
9.3.1 Distribuzione delle Parti	97
9.4 Descrizioni	97
9.5 Tabella Core di LOINC	97
9.6. Gruppi LOINC.....	97
10 Misure di Valutazione Standardizzate.....	98
10.1 Introduzione.....	98
10.2 Rappresentazione LOINC.....	99
10.2.1 Regole di denominazione e convenzioni per nomi di collezioni (es. panel, strumenti di indagine).	99
10.2.2 Attributi dei termini LOINC per singole domande o variabili.....	99
10.2.3 Elenchi strutturati di risposte	100
10.2.4 Attributi di elementi che variano in base alla collezione genitore	100
10.2.5 Scegliere il "display text" per una domanda o variabile	100
10.2.6 Tipo di Metodo (6° parte) per una domanda o variabile	101
10.2.7 Tempo di misurazione (terza parte) per una domanda o variabile	101
10.2.8 Informazioni sul modulo	101
10.3 Valutazione del contenuto nella Distribuzione LOINC	102
10.4 Aggiornamenti in corso attraverso la nostra collaborazione con CMS su valutazioni post acuta.....	102
11 Politiche e Procedure Editoriali	102
11.1 Orientamento al concetto e cambiamenti nei nomi LOINC.....	103
11.2 Classificazione dello status del termine LOINC	103
11.3 Persistenza del concetto e termini dismessi	105
11.4 Pubblicazione dei codici LOINC in anticipo rispetto alle pubblicazioni ufficiali	105
12 Raccomandazioni per Best Practices nell'uso e nella mappatura verso LOINC	105
12.1 Regole commerciali per gli utenti che mappano i loro panel locali ai panel LOINC	106
12.1.1 Deve contenere tutti gli elementi richiesti	106
12.1.2 Nessuna misura primaria aggiuntiva	106
12.1.3 Gli elementi opzionali sono opzionali	106
12.1.4 Sostituzioni relative al metodo	106
12.1.5 Sostituzioni per Proprietà di massa contro sostanza	107
12.1.6 Nessuna sostituzione di quantitativo per qualitativo (e viceversa)	107

12.1.7 Prestare attenzione agli elementi riflessi.....	107
12.1.8 Caso speciale di conteggi differenziali (comprese le convenzioni per non riportare conteggi zero)	107
12.1.9 Panel con solo definizioni narrative degli elementi che dovrebbero contenere	108
12.2 Esempi di applicazione delle regole aziendali per gli utenti che mappano i loro panel locali ai panel LOINC	108
12.2.1 Panel di confronto: panel IgG e IgM del virus varicella zoster - Siero (LOINC: 45063-5)	108
12.2.2 Panel di confronto: panel della creatinichinasi - Siero o plasma (LOINC: 24335-2)	108
12.2.3 Panel di confronto: panel Droghe di abuso 5 - Urina con metodo Screening (LOINC: 65750-2)	109
12.3 Interrogare LOINC e creare definizioni di value set intensionali basati sulla struttura del database LOINC.....	109
12.3.1 Rappresentazione canonica di LOINC come sistema di codice FHIR.....	110
12.4 Il sistema di codice per identificatori assegnati da LOINC	110
12.5 Nomi dei termini LOINC nei messaggi HL7	110
12.6 Aggiornamento a nuove versioni di LOINC	111
12.7 Utilizzo di URI per identificare artefatti LOINC	111
12.7.1 Utilizzo di un URI per identificare LOINC come sistema di codice	111
12.7.2 Utilizzo di un URI per identificare i concetti LOINC come risorse in RDF	111
12.7.3 Utilizzo di un URI per identificare i concetti LOINC come set di valori.....	112
Appendice A – Struttura database LOINC.....	113
Appendice B – Classi	118
Appendice C – Calcolo Mod 10 Check Digits	126
Appendice D – Procedura per la Presentazione di Aggiunte/Cambiamenti a LOINC	127
Appendice E – Esempi di abbinamento delle proprietà in LOINC	130
Appendice F – Esempi di acronimi usati in LOINC.....	134
Appendice G – Schede Tecniche LOINC	137
D-Dimer Revisions in LOINC	138
Cockcroft-Gault formula for estimating creatinine clearance, Schwartz equation for Glomerular Filtration Rate and MDRD formulae	141
Inducible Clindamycin Resistance in Staphylococcus and Streptococcus	145
KIR Gene Family.....	146
Oxygen Saturation and LOINC®	147
Nomenclature of Salmonella Species, Subspecies, and Serovars	150
Segmented Neutrophils Versus Polymorphonuclear WBC	152
Vitamin D	153
Free Thyroxine Index Variants	157
Streptococcus pneumoniae serotype nomenclature	159
Appendice H - Loinc Committee.....	161
Allegato - LOINC/RSNA Radiology Playbook User Guide.....	162

Nota di copyright e licenza

"LOINC" rappresenta il lavoro di nomenclatura clinica chiamato Logical Observation Identifiers Names and Codes (LOINC) che fornisce un sistema universale di codici per identificare le osservazioni cliniche e di laboratorio e il relativo contenuto.

I codici LOINC®, la tabella LOINC® (indipendentemente dal formato), la tabella Core LOINC®, il file Cambiamenti LOINC® (collettivamente, il "Gruppo 1 Artefatti"), le note di rilascio LOINC®, e la LOINC® Users' Guide (collettivamente, il "Gruppo 1 Documenti"), sono soggetti a *copyright* © 1995-2019, Regenstrief Institute, Inc. e il Logical Observation Identifiers Names and Codes (LOINC) Committee. Tutti i diritti riservati.

Il programma RELMA®, il database RELMA® e gli associati search index files (soggetti al summenzionato *copyright* rispetto ai codici LOINC® e la tabella LOINC® ivi inclusi), il Community Mapping Feature Database, RELMA® (collettivamente, il "Gruppo 2 Artefatti"), e le note di rilascio RELMA® e il Manuale dell'utente RELMA® (collettivamente, il "Gruppo 2 Documenti"), sono soggetti a *copyright* © 1995-2019, Regenstrief Institute, Inc. Tutti i diritti riservati.

I file *Panel* e moduli LOINC®, il file LOINC® per la Document Ontology e il file LOINC® per le gerarchie (soggetti al summenzionato *copyright* rispetto ai codici LOINC® e la tabella LOINC® nella misura in cui essi sono ivi inclusi) sono soggetti a *copyright* © 1995-2019, Regenstrief Institute, Inc. Tutti i diritti riservati.

LOINC® e RELMA® sono marchi registrati negli Stati Uniti dal Regenstrief Institute, Inc.

Con la presente, è concesso il permesso in perpetuo, senza pagamento di diritti di licenza o d'autore, di utilizzare, copiare o distribuire il Gruppo 1 Artefatti, il Gruppo 1 Documenti, il Gruppo 2 Artefatti, il Gruppo 2 Documenti e il Gruppo 3 Artefatti (collettivamente, "Materiali concessi in licenza") per qualsiasi scopo commerciale o non commerciale, soggetto ai termini e alle condizioni seguenti:

- 1) Al fine di evitare lo svigorimento dello scopo dei codici LOINC e della tabella LOINC nel fornire uno standard definitivo per l'identificazione di informazioni cliniche nei referti elettronici, è vietato agli utenti fare uso di qualsiasi materiale concesso in licenza allo scopo di sviluppare o diffondere uno standard diverso per l'identificazione di osservazioni sul paziente, come ad esempio risultati di test di laboratorio; altri risultati di test di servizi diagnostici; osservazioni cliniche e misurazioni; referti prodotti da medici e servizi diagnostici relativi a pazienti; panel, moduli e collezioni che definiscono aggregazioni delle stesse osservazioni; e richieste per le stesse in referti e messaggi elettronici.
- 2) Se l'utente sceglie di utilizzare il programma RELMA, riceverà il database RELMA completo e i search index files associati al programma RELMA, inclusa la tabella LOINC e le altre tabelle del database comprese nel database RELMA. Oltre all'uso della tabella LOINC con il programma RELMA, gli utenti possono usare la tabella LOINC da sola e modificare la stessa come ivi concesso. Gli utenti non possono utilizzare o modificare le altre tabelle del database RELMA o dei search index files associati, ad eccezione che con il loro uso autorizzato del programma RELMA, a meno che non venga dato il previo permesso per iscritto da parte del Regenstrief Institute, Inc. Per richiedere il permesso per iscritto, si prega di contattare loinc@regenstrief.org. Il programma RELMA fornisce anche l'accesso a determinati contenuti internet protetti da copyright dal Regenstrief Institute. Nessun permesso aggiuntivo di modificare o distribuire questi contenuti internet è garantito attraverso l'uso da parte degli utenti del programma RELMA.
- 3) Il programma RELMA include anche la funzione di RELMA Community Mapping e l'accesso al RELMA Community Mapping database. L'esattezza e la completezza delle informazioni nella funzione RELMA Community Mapping non è verificata né da Regenstrief né dal LOINC

Committee. L'accesso alla funzione RELMA Community Mapping è attivata attraverso l'autenticazione dell'utente dalla schermata di login RELMA. Se un utente desidera rinunciare alla funzione RELMA Community Mapping, può semplicemente utilizzare RELMA senza effettuare il login.

a. Utilizzando la funzione RELMA Community Mapping, gli utenti accettano quanto segue:

- i. Gli utenti non possono copiare, distribuire, o condividere l'accesso alle informazioni fornite dalla funzione RELMA Community Mapping.
 - ii. Gli utenti accettano il rischio di utilizzare le informazioni fornite dalla funzione RELMA Community Mapping, riconoscono che tali informazioni sono presentate da altri utenti, e capiscono che né Regenstrief Institute, Inc. né il LOINC Committee sono responsabili per le informazioni fornite dalla funzione RELMA Community Mapping.
 - iii. Regenstrief Institute, Inc. può contattare gli utenti per quanto riguarda:
 1. L'uso della funzione RELMA Community Mapping;
 2. Richieste di informazioni supplementari; e
 3. Le presentazioni di mapping dell'utente nel database della funzione RELMA Community Mapping;
 - iv. Altre persone possono contattare l'utente riguardante le osservazioni presentate nel database della funzione RELMA Community Mapping;
 - v. L'utente farà ogni ragionevole sforzo per presentare i mapping degli utenti nel database della funzione RELMA Community Mapping, che può contenere le seguenti informazioni (se applicabile):
 1. Batteria locale/panel/codice di prova
 2. Batteria locale/panel/nome del test/descrizione
 3. Unità di misura
 4. Codice LOINC a cui è mappato
 5. Data del mapping
 6. Lingua dei nomi di test
 7. Versione di LOINC usato per fare il mapping
 8. Informazioni di contatto;
 - vi. Se un utente propone dei mapping per conto di un'organizzazione, ciò significa che l'utente è autorizzato a presentare questi mapping e ad accettare questi termini per conto della sua organizzazione.
 - vii. Se un utente propone dei mapping nel database della funzione RELMA Community Mapping, l'utente concede in perpetuo a Regenstrief, per conto suo e della sua organizzazione, una licenza non esclusiva, senza pagamento o tariffe, i mapping presentati per le finalità connesse alla missione di LOINC, RELMA, e Regenstrief, incluso, ma non limitato a:
 1. Modificare le informazioni
 2. Rendere le informazioni disponibili al pubblico;
 3. Svolgere analisi aggregate;
 4. Condurre e pubblicare la ricerca che non consente di identificare il nome dell'utente o della sua organizzazione;
 5. Sviluppare e potenziare LOINC e strumenti software connessi.
- 4) Gli utenti non devono cambiare il significato di nessun codice LOINC. Gli utenti non devono cambiare né il nome né i contenuti di qualsiasi campo nel Gruppo 1 Artefatti. Gli utenti possono aggiungere nuovi campi alla tabella LOINC e alla tabella Core LOINC per allegare informazioni aggiuntive ai record LOINC esistenti. Gli utenti non possono modificare né il contenuto né la struttura del Gruppo 3 Artefatti, ma possono comunicare eventuali incongruenze o correzioni ritenute necessarie contattando loinc@regenstrief.org.
- 5) Gli utenti non dovranno utilizzare le parti LOINC o le gerarchie delle parti LOINC in nessuno modo se non come sono presentate nei Materiali soggetti a Licenza (e/o in altri formati di distribuzione approvato dal Regenstrief Institute) per organizzare o essere costituenti di termini LOINC. Le parti

LOINC e le gerarchie delle parti LOINC non dovranno essere né utilizzati come terminologia “standalone”, né separatamente dei termini LOINC. L’utente è consapevole che le parti LOINC e le gerarchie delle parti LOINC sono soggette a cambiamento, aggiunta, modifica o eliminazione, e non sono strettamente gestite secondo le stesse condizioni dei termini LOINC.

- 6) Un utente può cancellare dei *record* dalla tabella LOINC e della tabella Core LOINC per occuparsi delle esigenze locali dell’utente. Può anche aggiungere nuovi *record* alla tabella LOINC e alla tabella Core LOINC per poter affrontare esigenze locali, a patto che, nell’eventualità di aggiungere dei nuovi *record*, qualsiasi nuova voce nel campo LOINC_NUM di questi nuovi record venga preceduta da una lettera “X” in modo che i nuovi codici e record non vengano confusi né con i codici LOINC esistenti né con i nuovi codici LOINC così come verranno definiti con i successivi rilasci della tabella LOINC. I *record* cancellati oppure aggiunti dagli utenti per fare fronte ad esigenze locali non vengano riprodotti nella tabella LOINC e nella tabella Core LOINC ufficiali gestite dal Regenstrief Institute, Inc. Gli utenti devono inoltre fare uno sforzo ragionevole per presentare richieste a LOINC per nuovi *record* per coprire osservazioni non trovate nella tabella LOINC (e nella tabella Core LOINC) al fine di minimizzare la necessità di fare uso dei codici – X.
- 7) I codici LOINC e altre informazioni contenute nella tabella LOINC (e nella tabella Core LOINC) possono essere usati in messaggi elettronici per i risultati di test di laboratorio e per osservazioni cliniche come ad esempio messaggi HL7 ORU, senza la necessità di includere né la presente Nota di Copyright e Licenza né un riferimento in merito nel messaggio (e senza la necessità di includere tutti i campi richiesti nella sezione 9 del presente documento). Quando il codice LOINC (dal campo LOINC_NUM) viene incluso nel messaggio si suggerisce agli utenti, senza obbligo, di includere lo short name LOINC corrispondente (dal campo SHORTNAME) oppure il LOINC long common name (dal campo LONG_COMMON_NAME) nel messaggio se lo stesso fornisce uno spazio per la rappresentazione testuale del nome del codice.
- 8) Gli utenti possono realizzare e distribuire un numero illimitato di copie dei Materiali soggetti a Licenza. Ciascuna copia degli stessi deve includere una copia della presente Nota di Copyright e Licenza, e deve includere il numero appropriato di versione per i Materiali soggetti a Licenza, se gli stessi Materiali hanno un numero di versione, o la data di rilascio se i Materiali soggetti a Licenza non hanno un numero di versione. La presente Nota di Copyright e Licenza deve apparire su ogni copia stampata della tabella LOINC (e della tabella Core LOINC). Nel caso in cui i Materiali soggetti a Licenza vengono distribuiti in forma di supporto di memorizzazione fisso (ad esempio CD_ROM), una copia stampata della presente Nota di Copyright e Licenza deve essere inclusa con il supporto, e un file testo contenente le presenti informazioni deve essere memorizzato sul mezzo di supporto in un file denominato “license.txt”. Laddove i Materiali soggetti a Licenza vengano distribuiti tramite la Rete, la presente Nota di Copyright e Licenza deve essere accessibile sulla stessa pagina web dalla quale sono disponibili i Materiali soggetti a Licenza per il download. La presente Nota di Copyright e Licenza deve apparire verbatim su ogni copia elettronica o stampata del RELMA Users’ Manual e la LOINC Users’ Guide. Il RELMA Users’ Manual e la LOINC Users’ Guide non possono essere modificati né possono essere creati lavori derivati dagli stessi senza previo permesso per iscritto da parte del Regenstrief Institute, Inc. Per richiedere per iscritto tale permesso, si prega di contattare loinc@regenstrief.org. Il Regenstrief Institute si riserva il diritto di approvare qualsiasi modifica, o lavoro derivante dal RELMA Users’ Manual e/o dalla LOINC Users’ Guide.
- 9) In conformità con la Sezione 1 e le restrizioni ivi contenute, gli utenti possono incorporare parti del Gruppo 1 Artefatti o Gruppo 3 Artefatti in un altro catalogo di termini master (es. database per la definizione dei test di laboratorio), oppure in un programma software per la distribuzione all’esterno dell’ente o organizzazione dell’utente, a condizione che tale catalogo o programma software includa i seguenti campi riportati per intero dalla tabella LOINC (o dalla tabella Core LOINC): LOINC_NUM, COMPONENT, PROPERTY, TIME_ASPECT, SYSTEM, SCALE_TYP, METHOD_TYP, STATUS, e SHORTNAME. Gli utenti inoltre devono o (1) includere la EXTERNAL_COPYRIGHT_NOTICE o (2) eliminare le righe che includono il contenuto sotto *copyright* relativo a terzi (es., strumenti di indagine e risposte da parti terze). Se il contenuto di parte terza viene incluso, si richiede che gli utenti

osservino gli eventuali termini di licenza sotto *copyright* di terzi. Si auspica, senza obbligo, che gli utenti includano il RelatedNames2 e il LONG_COMMON_NAME in qualsiasi database di questo tipo. Ulteriori descrizioni di questi campi vengono forniti nell'Appendice A della LOINC Users' Guide. Ogni copia del Gruppo 1 Artefatti o del Gruppo 3 Artefatti compresa all'interno oppure distribuita insieme ad un altro database o programma software devono includere il seguente avviso:

“Il presente prodotto include per intero, o in parte, o è derivato dal contenuto di LOINC soggetto a licenza rilasciata dal Regenstrief Institute Inc. Il vostro utilizzo di LOINC è anch'esso soggetto alla licenza, copia della quale è disponibile all'indirizzo <http://loinc.org/license/>. L'attuale tabella LOINC completa è scaricabile dal sito <http://loinc.org>. La tabella LOINC e i codici LOINC sono soggetti a *copyright* © 1995-2019, Regenstrief Institute, Inc. e il Logical Observation Identifiers Names and Codes (LOINC) Committee. La tabella LOINC, la tabella Core LOINC, il file panel e moduli LOINC, il file delle risposte LOINC, il file LOINC Part, il file LOINC Group, il file LOINC per la Document Ontology, il file delle gerarchie LOINC, il file delle varianti linguistiche LOINC, LOINC/RSNA Radiology Playbook, la Tabella di mappatura tra LOINC e i codici dei dispositivi medici IEEE, il file del LOINC display name, il file LOINC consumer name e il file LOINC change snapshot sono soggetti a *copyright* © 1995-2019, Regenstrief Institute, Inc. Tutti i diritti riservati. LA TABELLA LOINC (IN TUTTI I FORMATI), LA TABELLA CORE LOINC, IL FILE PANEL E MODULI, IL FILE DELLE RISPOSTE LOINC, IL FILE LOINC PART, IL FILE LOINC GROUP, IL FILE LOINC PER LA DOCUMENT ONTOLOGY, LE GERARCHIE LOINC, IL FILE DELLE VARIANTI LINGUISTICHE LOINC, IL LOINC/RSNA RADIOLOGY PLAYBOOK, LA TABELLA DI MAPPATURA TRA LOINC E I CODICI DEI DISPOSITIVI MEDICI IEEE, IL FILE DEL LOINC DISPLAY NAME, IL FILE LOINC CONSUMER NAME E IL FILE LOINC CHANGE SNAPSHOT VENGONO FORNITI “COSI' COME SONO”. SI DISCONOSCE QUALSIASI GARANZIA ESPLICITA O IMPLICITA, INCLUSE, MA NON LIMITATE, GARANZIE DI COMMERCIALIZZABILITÀ O DI IDONEITÀ PER UNO SCOPO SPECIFICO. LOINC® è un marchio, depositato negli Stati Uniti, dal Regenstrief Institute, Inc. Una piccola parte della tabella LOINC può includere contenuto (es., strumenti di indagine) soggetto a *copyright* proprietà di terzi. Tale contenuto è stato mappato ai termini LOINC sotto *copyright* e termini d'uso applicabili. Nel caso si includano contenuti di questo tipo, è necessario includere una notifica rispetto a tale *copyright* che risulta proprietà di terzi.” Se il catalogo di termini master o il programma software che contiene il Gruppo 1 Artefatti o il Gruppo 3 Artefatti vengono distribuiti insieme ad una licenza stampata, la presente dichiarazione deve apparire nella licenza stampata. Nel caso in cui il catalogo di termini master o il programma software che contiene il Gruppo 1 Artefatti o il Gruppo 3 Artefatti vengono distribuiti su un supporto di memorizzazione digitale, lo stesso supporto deve contenere un file di testo che contiene le suddette informazioni in un file denominato “LOINC_short_license.txt”. Nel caso in cui il catalogo di termini master o il programma software che contiene il Gruppo 1 Artefatti o il Gruppo 3 Artefatti vengono distribuiti tramite Internet, le stesse informazioni di cui sopra devono essere accessibili nella stessa pagina web dalla quale il prodotto è disponibile per il download.

- 10) Fatta salva la sezione 1 e le altre restrizioni di questo documento, gli utenti possono incorporare parti il Gruppo 1 Artefatti o il Gruppo 3 Artefatti in un altro documento (es., una guida di attuazione o altre specifiche tecniche) per la distribuzione al di fuori dell'ente o l'organizzazione dell'utente, soggetto a questi termini:

- a. Ogni copia del documento che contiene porzioni il Gruppo 1 Artefatti o il Gruppo 3 Artefatti deve includere il seguente avviso:

“Questo materiale contiene contenuti da LOINC® (<http://loinc.org>). LOINC è protetto da copyright© 1995-2019, Regenstrief Institute, Inc. e il Logical Observation Identifiers Names and Codes (LOINC) Committee e sono disponibili gratuitamente sotto la licenza a <http://loinc.org/terms-of-use>.”

Ogni documento (inclusa, ma non limitato a, una pagina web) contenente parti del materiale concesso in licenza che viene reso disponibile attraverso un sito web o un'applicazione per dispositivi mobili deve contenere l'avviso.

- b. Si auspica, senza obbligo, che gli utenti indichino il numero della versione del materiale utilizzato.

- c. Tutte le informazioni nel documento che vengono estratte dai Materiali soggetti a Licenza devono essere sempre associate al corrispondente identificativo LOINC (per esempio codice LOINC, ID della lista delle risposte LOINC, numero della parte LOINC, ID del gruppo LOINC).
 - d. Nel caso in cui gli identificatori LOINC siano incorporati in un documento, gli utenti sono tenuti a includere uno dei seguenti display name LOINC:
 - i. Per i codici LOINC incorporati in un documento, gli utenti sono tenuti a includere uno dei seguenti display name LOINC dalla tabella LOINC, dalla tabella Core LOINC, o dal file delle varianti linguistiche di LOINC (secondo le disponibilità):
 - 1. Il nome completo, che include le informazioni dai campi COMPONENT, PROPERTY, TIME_ASPCT, SYSTEM, SCALE_TYP, e METHOD_TYP;
 - 2. Il nome corto LOINC (dal campo SHORTNAME); e
 - 3. Il nome lungo comune LOINC (dal campo LONG_COMMON_NAME).
 - ii. Per gli identificatori LOINC, eccetto i codici LOINC, gli utenti sono tenuti a includere il display name primario corrispondente (per esempio, nome della lista delle risposte LOINC, LOINC Answer String Display Text, nome della parte LOINC, nome del gruppo LOINC).
 - e. Gli utenti sono inoltre tenuti a o:
 - i. Includere il EXTERNAL_COPYRIGHT_NOTICE, o
 - ii. Escludere informazioni dalle righe che includono contenuti di parti terze protetti da copyright (ad esempio, strumenti d'indagine e risposte di parti terze). Se il contenuto di parti terze è incluso, gli utenti sono tenuti a rispettare le condizioni di licenza di copyright di parti terze.
- L'utilizzo e la distribuzione dei Materiali soggetti a Licenza secondo delle modalità non specificamente menzionate nella presente Nota richiede l'inclusione della notifica fornita nella Sezione 9 di cui sopra. Al fine di fornire tale notifica, si applicano le linee guida contenute nell'ultimo paragrafo della Sezione 9. Se l'utente desidera porre domande rispetto l'ammissibilità di un uso specifico di uno qualsiasi dei Materiali soggetti a Licenza, può contattare il Regenstrief Institute, Inc. via email: loinc@loinc.org.
 - Se l'utente desidera tradurre qualsiasi parte del Materiale soggetto a Licenza in una lingua diversa dall'inglese, lo stesso utente deve comunicarlo al Regenstrief Institute, Inc. tramite posta elettronica all'indirizzo loinc@loinc.org. Qualsiasi traduzione di questo genere risulta come lavoro derivato, e l'utente dà il proprio consenso e assegna ogni diritto, titolo e interesse riguardo tale lavoro derivato: (1) al Regenstrief Institute, Inc. e al LOINC Committee se la traduzione risulta essere un derivato del Gruppo 1 Artefatti o del Gruppo 1 Documenti, e (2) al Regenstrief Institute, Inc., se la traduzione risulta essere un lavoro derivato del Gruppo 2 Artefatti, del Gruppo 2 Documenti, o del Gruppo 3 Artefatti. Inoltre, l'utente fornirà piena cooperazione al Regenstrief Institute, Inc. nel completamento e nella revisione di qualsiasi domanda per il *copyright* o altri documenti di natura legale, e per la firma di eventuali documenti (ad esempio, dichiarazioni, assegnazioni, dichiarazioni giurate, e simili) che risultino ragionevolmente necessari alla preparazione di qualsiasi applicazione di tale *copyright*. L'assegnazione che si concede con il presente paragrafo comprende tutti i diritti di proprietà sia negli Stati Uniti che in tutti i paesi stranieri. Non si concede con la presente nessun altro diritto per la creazione di un lavoro derivato relativo a qualsiasi dei Materiali soggetti a Licenza (eccetto il diritto di tradurre in una lingua diversa dall'inglese concesso nella presente Sezione), ed il Regenstrief Institute, Inc. e il LOINC Committee rispettivamente si riservano tutti gli altri diritti non specificamente concessi nella presente nota. Tali traduzioni saranno tutte trasmesse elettronicamente al Regenstrief Institute, Inc., e le stesse saranno rese disponibili e saranno soggette agli stessi diritti di licenza e alle stesse restrizioni indicate nella presente nota. Il Regenstrief riconoscerà, sul sito web di LOINC (e nelle schermate del programma RELMA) l'utente e/o entie responsabile della traduzione. La correttezza delle traduzioni non è verificato né da Regenstrief Institute, Inc. né dal LOINC Committee.
 - Il Regenstrief Institute, Inc. e il LOINC Committee accolgono volentieri richieste per nuovi contenuti LOINC (termini, codici o materiali associati come ad es., descrizioni testuali e sinonimi) nonché dei

suggerimenti relativi alla revisione di contenuti esistenti all'interno dei Materiali soggetti a Licenza. Qualsiasi contenuto fornito insieme a tale genere di richiesta è soggetto alla LOINC Submissions Policy, disponibile all'indirizzo <http://loinc.org/submissions-policy>.

- I nomi “Regenstrief”, “Regenstrief Foundation”, “Regenstrief Institute, Inc.”, e “LOINC Committee” non possono essere usati in un modo che potrebbe essere interpretato come approvazione o promozione di qualsiasi prodotto o servizio senza previo permesso scritto del Regenstrief Institute, Inc. Inoltre, nessun diritto per l'uso dei marchi depositati del Regenstrief Institute, Inc. viene autorizzato con la presente Nota. Per richiedere il permesso per iscritto, si prega di contattare loinc@loinc.org.
- **CLAUSOLA DI ESCLUSIONE DELLA RESPONSABILITÀ: IL REGENSTRIEF INSTITUTE, INC. E IL LOINC COMMITTEE, COSÌ COME QUALSIASI COLLABORATORE CHE ABBA FORNITO TRADUZIONI DEI MATERIALI SOGGETTI A LICENZA, NON ACCETTANO ALCUNA RESPONSABILITÀ NÉ PER EVENTUALI OMISSIONI O ERRORI NEI MATERIALI SOGGETTI A LICENZA NÉ PER ALTRI MATERIALI OTTENUTI DAL REGENSTRIEF INSTITUTE, INC. E/O DAL LOINC COMMITTEE. I MATERIALI SOGGETTI A LICENZA E TUTTI GLI ALTRI MATERIALI OTTENUTI DAL REGENSTRIEF INSTITUTE, INC. E/O DAL LOINC COMMITTEE SONO FORNITI “COSÌ COME SONO”, SENZA GARANZIA ALCUNA. QUALSIASI GARANZIA, ESPRESSA O IMPLICITA, È CON LA PRESENTE NEGATA, CON L'INCLUSIONE, MA SENZA LIMITAZIONE, DI GARANZIE IMPLICITE DI TITOLO, LA NON VIOLAZIONE, COMMERCIALIZZABILITÀ E IDONEITÀ PER UNO SCOPO SPECIFICO E GARANZIE CHE RISULTANO DA UN PROCESSO DI TRANSAZIONE, O DALL'USO O L'ESERCIZIO COMMERCIALE. INOLTRE, NESSUNA GARANZIA O RAPPRESENTAZIONE VIENE FORNITA RIGUARDO L'ACCURATEZZA, LA COMPLETEZZA, LA SEQUENZA, LA TEMPESTIVITÀ O LA DISPONIBILITÀ DEI MATERIALI SOGGETTI A LICENZA O DI QUALSIASI ALTRO MATERIALE FORNITO DAL REGENSTRIEF INSTITUTE, INC. E/O DAL LOINC COMMITTEE, O DI QUALSIASI TRADUZIONE O LAVORI DERIVATI DEI SUMMENZIONATI MATERIALI. IL REGENSTRIEF INSTITUTE, INC. O IL LOINC COMMITTEE O I LORO COLLABORATORI NON SARANNO IN NESSUN CASO PASSIBILI NÉ DI QUALSIASI RESPONSABILITÀ DIRETTA, INDIRETTA, CASUALE, SPECIALE, O ESEMPLARE, NÉ DI DANNI CONSEGUENTI O COSTI LEGALI (INCLUSI, MA NON LIMITATI A OTTENIMENTO DI BENI O SERVIZI SOSTITUTIVI; COSTO OPPORTUNITÀ; PERDITA D'USO, DI DATI, DI RISPARMI, DI PROFITI; O INTERRUZIONE DI ATTIVITÀ COMMERCIALE) IN QUALUNQUE MODO CAUSATI NONCHÉ RISPETTO A QUALSIASI IPOTESI DI RESPONSABILITÀ SE NEL CONTRATTO, DI RESPONSABILITÀ ASSOLUTA, O ILLECITO (INCLUSA LA NEGLIGENZA O ALTRO) RISULTANTI IN QUALSIASI MODO DALL'USO DEI MATERIALI SOGGETTI A LICENZA O QUALSIASI ALTRO MATERIALE OTTENUTO DAL REGENSTRIEF INSTITUTE, INC., E/O DAL LOINC COMMITTEE, ANCHE NEL CASO IN CUI SI VENGA AVVISATI DELLA POSSIBILITÀ DEL VERIFICARSI DI TALE DANNO O SE TALI DANNI FOSSERO PREVEDIBILI. ALCUNE GIURISDIZIONI NON PERMETTONO LA LIMITAZIONE O L'ESCLUSIONE DI CERTE GARANZIE O CONDIZIONI, QUINDI PARTE DEL PRECEDENTE POTREBBE NON APPLICARSI NEL VOSTRO CASO.**
- La presente licenza sarà interpretata in conformità con le leggi dello Stato dell'Indiana, Stati Uniti d'America, salvo i conflitti fra norme di diritto.
- Regenstrief Institute, Inc. può raccogliere informazioni sull'Utente incluso, ma non limitato a :
 - a. Informazioni specifiche riguardante dispositivi come modulo hardware, sistema operativo e versione;
 - b. Indirizzo IP;

- c. Il modo in cui l'Utente ha utilizzato i Materiali soggetti a Licenza (es., quali query di ricerca sono state effettuate e quali informazioni accessorie relative ai termini dei codici LOINC sono state controllate);
 - d. Informazioni di contatto (es. nome, e-mail, e organizzazione) fornite dall'Utente tramite RELMA o il sito web loinc.org;
 - e. Data e ora di accesso, download o utilizzo, e la durata d'utilizzo.
- Regenstrief Institute, Inc. può associare queste informazioni ad un account utente su loinc.org. Le informazioni raccolte sugli utenti saranno utilizzati solo dal Regenstrief Institute, Inc. e/o dal LOINC Committee per scopi non di lucro e di sviluppo, e non saranno fornite a terzi.

Avviso riguardante contenuti di parti terze e termini di *copyright*

Una piccola parte dei contenuti del Materiale soggetto a Licenza consiste in contenuti soggetti a *copyright* di parti terze. Detti contenuti di terze parti sono o usati previa autorizzazione o secondo i termini d'uso applicabili. In tutti questi casi, abbiamo incluso la nota di *copyright*. Il copyright dei codici LOINC rimane di proprietà del Regenstrief Institute, Inc. e della LOINC Committee ed è soggetto all'Avviso e alla Licenza di copyright LOINC.

Alcuni contenuti inclusi di terze parti richiedono l'attribuzione specifica a uno o più codici LOINC. Il contenuto di parti terze è identificato nella tabella LOINC attraverso l'avviso di copyright applicabile (fino a 250 caratteri) memorizzato nel campo EXTERNAL_COPYRIGHT_NOTICE. In RELMA e nella nostra applicazione di ricerca web-based (<http://search.loinc.org>), il contenuto di parti terze viene evidenziato come segue: Quando tale contenuto viene visualizzato in una griglia di risultati di ricerca, nei programmi verrà visualizzato un campo con un collegamento a una pagina contenente le informazioni sul copyright e sulle condizioni d'uso di tali contenuti. I programmi potrebbero anche evidenziare visivamente le righe di tali codici LOINC.

Abbiamo incluso contenuti provenienti da parti terze che consentono l'uso e la distribuzione almeno per scopi clinici, amministrativi e di ricerca. Generalmente i proprietari di *copyright* di parti terze richiedono il riconoscimento della fonte, e permettono l'uso gratuito del contenuto per finalità di cura, di gestione sanitaria e per scopi di ricerca. Generalmente, vietano l'alterazione dei contenuti (es. domande d'indagine e/o risposte) e l'uso per scopi commerciali, il che significa solitamente la vendita degli strumenti d'indagine. Spesso permettono l'uso dei contenuti nei software commerciali, nei sistemi per la refertazione medica e in altri sistemi di database clinici, e la trasmissione di informazioni su pazienti raccolte tramite l'uso di tali strumenti.

Attribuzioni richieste per contenuti di terze parti non identificate come tali nel campo EXTERNAL_COPYRIGHT_NOTICE:

- A. Il file parte LOINC, il file LOINC/SNOMED CT Expression Association and Map Sets, il database RELMA e i file associati dell'indice di ricerca inclusi nei Termini Clinici di SNOMED (SNOMED CT®) che sono usati su autorizzazione dall'International Health Terminology Standards Development Organisation (IHTSDO) sotto licenza. Tutti i diritti sono riservati. SNOMED CT® è stato originariamente creato dal College of American Pathologists. "SNOMED" e "SNOMED CT" sono marchi registrati di IHTSDO. L'utilizzo del contenuto di SNOMED CT è soggetto ai termini e alle condizioni esposti nel Contratto di Licenza di Affiliazione di SNOMED CT. È responsabilità di coloro che implementano questo prodotto assicurarsi di essere debitamente autorizzati e per ulteriori informazioni sulla licenza, incluso come registrarsi come un Affiliato, fare riferimento a <http://www.snomed.org/snomed-ct/get-snomed-ct> oppure a info@snomed.org. Sotto i termini della Licenza di Affiliazione, l'uso di SNOMED CT in paesi che non sono membri di IHTSDO è soggetto a obblighi di segnalazione e pagamento delle commissioni. Tuttavia, IHTSDO si impegna a rinunciare ai requisiti per la segnalazione e il pagamento di commissioni per l'uso dei contenuti SNOMED CT inclusi mapping dei termini LOINC e le associazioni dei termini LOINC per scopi che supportano o consentono un uso più efficace di LOINC.

- B. Il file delle risposte LOINC, il database RELMA e i file associati all'indice di ricerca includono il contenuto dei Termini Clinici di SNOMED (SNOMED CT®) che viene utilizzato su autorizzazione dell' International Health Terminology Standards Development Organisation (IHTSDO) su licenza. Tutti i diritti sono riservati. SNOMED CT® è stato originariamente creato dal College of American Pathologists. "SNOMED" e "SNOMED CT" sono marchi registrati di IHTSDO. L'utilizzo del contenuto di SNOMED CT è soggetto ai termini e alle condizioni esposti nel Contratto di Licenza di Affiliazione di SNOMED CT. È responsabilità di coloro che implementano questo prodotto assicurarsi di essere debitamente autorizzati e per ulteriori informazioni sulla licenza, incluso come registrarsi come un Affiliato, fare riferimento a <http://www.snomed.org/snomed-ct/get-snomed-ct> oppure a info@snomed.org. Ciò può comportare una commissione nei paesi terzi di SNOMED International.
- C. Il file parte LOINC, il file delle risposte LOINC, il database RELMA e i file associati all'indice di ricerca includono il contenuto dell'edizione USA di SNOMED CT, sviluppato e gestito dalla National Library of Medicine degli Stati Uniti ed è disponibile per i Licenziatari autorizzati per l'UMLS Metathesaurus al sito di download UTS all'indirizzo <https://uts.nlm.nih.gov>.
- D. L'Unified Medical Language System (UMLS) della National Library of Medicine degli Stati Uniti (<https://www.nlm.nih.gov/research/umls/>) è la fonte del contenuto di RxNorm® ed è disponibile per i Licenziatari autorizzati per l'UMLS Metathesaurus.
- E. Il LOINC/RSNA Radiology Playbook and file parte LOINC contengono il contenuto del RadLex® (<http://www.radlex.org>), copyright © 2005-2019, la Radiological Society of North America, Inc., disponibile gratuitamente sotto licenza all'indirizzo http://www.rsna.org/uploadedFiles/RSNA/Content/Informatics/RadLex_License_Agreement_and_Terms_of_Use_V2_Final.pdf.
- F. La tabella di mappatura dei codici dei dispositivi medici LOINC / IEEE (<http://ieee.org>), copyright © 2017 IEEE.
- G. Questo prodotto include tutta o parte della tabella UCUM, i codici UCUM e le definizioni UCUM o è derivato da essi, soggetto a licenza da Regenstrief Institute, Inc. e UCUM Organization. L'utilizzo della tabella UCUM, dei codici UCUM e delle definizioni UCUM è soggetto anch'esso a questa licenza, una copia della quale è disponibile su <http://unitsofmeasure.org>. L'attuale tabella UCUM completa, la specifica UCUM è disponibile per il download all'indirizzo <http://unitsofmeasure.org>. La tabella UCUM e i codici UCUM sono protetti da copyright © 1995-2019, Regenstrief Institute, Inc. e l'organizzazione Unified Codes for Units of Measures (UCUM). Tutti i diritti riservati. LA TABELLA UCUM (IN TUTTI I FORMATI), LE DEFINIZIONI UCUM E LE SPECIFICHE SONO FORNITE "COSÌ COME SONO". ESCLUSIONE DI GARANZIE ESPLICITE O IMPLICITE, COMPRESE, MA NON LIMITATE, LE GARANZIE IMPLICITE DI COMMERCIALIZZABILITÀ E IDONEITÀ PER UN PARTICOLARE SCOPO.

1 Introduzione

LOINC fornisce un insieme di nomi e codici ID universali per l'identificazione dei risultati di test clinici e di laboratorio.^{1,2} LOINC facilita lo scambio e il raggruppamento di risultati, come ad esempio il livello di emoglobina nel sangue, il potassio sierico, o segni vitali, per cure cliniche, *outcomes management* e la ricerca. Gli identificatori universali LOINC (nomi e codici) possono essere utilizzati nel contesto di scambi di ordini e osservazioni tra sistemi informativi che utilizzano standard di sintassi come HL7³, CEN TC251, ISO TC215, ASTM⁴, e DICOM. In particolare, l'identificatore può essere utilizzato come valore codificato per un'osservazione in qualsiasi altro standard che utilizza l'osservazione/il paradigma del valore di osservazione, se messaggi, documenti, librerie di programmazione (Application Programming Interface - API), ecc. Per esempio, i codici LOINC sono ampiamente utilizzati nel segmento OBX del campo "Observation Identifier" (OBX-3) di un messaggio ORU HL7 (HL7 versione 2.x o ASTM 1238-9410) che può essere inviato tra i sistemi informatici e gestionali di laboratorio (Laboratory Information Management Systems - LIMS) e i sistemi di cartella clinica elettronica (Electronic Health Record - EHR)^{5,6}. In questo modo, i codici LOINC forniscono identificatori "universali" che consentono lo scambio di dati clinici tra ambienti informatici eterogenei.

Se i produttori di dati utilizzano solo i loro codici interni (e idiosincratici) per identificare le variabili, i sistemi informativi medico-sanitari non possono "comprendere" completamente i risultati che ricevono a meno che non adottino i codici del produttore (il che è impossibile se il sistema informativo riceve risultati da più fonti) oppure investano nel lavoro di mappare il sistema di codifica di ciascun produttore al proprio sistema di codici interno⁷. Se i produttori di informazioni sanitarie che desiderano comunicare tra di loro adottassero i codici LOINC per poter identificare i propri risultati nella trasmissione di dati, questo problema non sussisterebbe. Un sistema che riceve risultati, che ha i codici LOINC nel proprio file del catalogo principale, sarebbe in grado di comprendere e fascicolare correttamente i messaggi di risultati HL7 per identificare le osservazioni cliniche tramite i codici LOINC. Allo stesso modo, se fossero riportati i codici di osservazioni e test con codici LOINC, le agenzie governative sarebbero in grado di raggruppare i risultati dei test da più fonti, per la gestione della ricerca e per scopi di sanità pubblica. I termini LOINC dovrebbero essere di interesse per molti all'interno dell'ecosistema sanità, inclusi gli ospedali, i laboratori clinici, gli studi medici, i dipartimenti statali per la sanità, i responsabili per l'assistenza sanitaria governativa, fornitori di tecnologie informatiche per la sanità, fornitori di test diagnostici, terzi finanziatori di servizi sanitari, e le organizzazioni responsabili per la garanzia della qualità e *utilization review*.

Inizialmente, sono state utilizzate molte fonti come substrato che ha supportato la creazione di LOINC, tra cui il Silver Book dell'International Union of Pure and Applied Chemistry (IUPAC) e l'International Federation of Clinical Chemistry (IFCC),⁸ libri di testo di patologia clinica (ad esempio, Henry⁹ e Tietz¹⁰), l'esperienza e il lavoro dei membri LOINC e EUCLIDES. Sono anche stati esaminati i file dei test master di otto fonti (Indiana University/Regenstrief, University of Utah, Association of Regional and University Pathologists (ARUP), Mayo Medical Laboratories, LDS Hospital di Salt Lake City, il Department of Veterans Affairs,

¹ Forrey AW, McDonald CJ, DeMoor G, Huff, SM, Leavelle D, Leland D, Fiers T, Charles L, Stalling F, Tullis A, et. al. The logical observation identifier names and codes (LOINC) database: A public use set of codes and names for electronic reporting of clinical laboratory results. *Clinical Chemistry* 1996;42:81-90.

² McDonald CJ, Huff SM, Suico JG, Hill G, Leavelle D, Aller R, Forrey A, Mercer K, DeMoor G, Hook J, Williams W, Case J, Maloney P. LOINC, a universal standard for identifying laboratory observations: A 5-Year update. *Clinical Chemistry* 2003;49:624-633.

³ Health Level Seven. An application protocol for electronic data exchange in healthcare environments. Version 2.3. Ann Arbor, MI: Health Level Seven, Inc.; 1997.

⁴ ASTM E1238-94. Standard Specification for Transferring Clinical Observations Between Independent Computer Systems. Philadelphia: American Society for Testing Materials; 1994.

⁵ McDonald CJ, Tierney WM. Computer-stored medical records. Their future role in medical practice. *JAMA*. 1988 Jun 17;259(23):3433-40. Review. PubMed PMID: 3286915.

⁶ Dick AS, Steen EB (editors). The computer-based patient record. Washington DC: National Academy Press; 1991.

⁷ McDonald CJ, Park BH, Blevins L. Grocers, physicians, and electronic data processing. *AMA Continuing Medical Education Newsletter* 1983;1:5-8.

⁸ International Union of Pure and Applied Chemistry/International Federation of Clinical Chemistry. The Silver Book: Compendium of terminology and nomenclature of properties in clinical laboratory sciences. Oxford: Blackwell Scientific Publishers; 1995.

⁹ Henry JB. Clinical Diagnosis and Management by Laboratory Methods. Philadelphia:W.B. Saunders; 1994.

¹⁰ Burtis CA, Ashwood ER (editors). Tietz Textbook of Clinical Chemistry, 2nd ed. Philadelphia:W.B. Saunders; 1994.

Quest Diagnostics, e University of Washington). Fin dall'inizio, questo è stato uno sforzo empirico con l'obiettivo di fornire codici che corrispondano ai concetti nei file master dei laboratori e dei dipartimenti clinici del mondo reale.

L'obiettivo è di raggiungere un livello di dettaglio nella definizione di un termine LOINC che sia mappabile, con corrispondenza uno a uno, alle singole osservazioni riportate separatamente su un referto di laboratorio clinico o su qualsiasi altro sistema di refertazione clinico. Se un test ha una propria colonna in un referto clinico o ha un intervallo di riferimento significativamente diverso da altri test o ha un significato clinico diverso rispetto ad altri test correlati, è consuetudine assegnargli un codice e un nome LOINC separati. LOINC crea termini sia per singole variabili (test riferibili o misurazioni cliniche) sia per raccolte di tali variabili. Vengono creati termini che rappresentano due tipi di raccolte: *Panel*, in cui sono elencati gli elementi figlio, e *Documenti* in cui i termini rappresentano raccolte di informazioni generali i cui contenuti non sono esplicitamente enumerati.

Il Regenstrief Institute mantiene LOINC e lo rende disponibile in numerosi formati di file. LOINC e i file correlati (come questo documento) sono protetti da copyright per assicurare che non emergano varianti multiple dello standard. Avere molte varianti vanificherebbe lo scopo di un identificatore universale per i risultati dei test. LOINC è disponibile gratuitamente in tutto il mondo su licenza su <http://loinc.org/license>. La tabella LOINC, la documentazione di supporto e i file supplementari, nonché il programma di mappatura RELMA® sono tutti resi disponibili dal Regenstrief Institute sul sito web LOINC (<http://loinc.org>). Il contenuto di LOINC e la documentazione associata sono stati tradotti in molte lingue a ulteriore supporto dell'adozione a livello globale¹¹.

1.1 Ringraziamenti

Nel corso degli anni, LOINC è stato supportato finanziariamente da molte organizzazioni e persone, che ringraziamo sul sito web LOINC. Siamo grati per il generoso supporto da parte di:

- Regenstrief Foundation
- Regenstrief Institute, Inc.
- I membri della LOINC Community che hanno effettuato donazioni o sono divenuti Premium Members
- Agency for Health Care Policy and Research (Grants HS 08750, HS 07719-03)
- Centers for Disease Control and Prevention (Grant and Contracts R13/CCR517099 and H75/CCH520501)
- Centers for Medicare & Medicaid Services (Contract HHSM500201600040C)
- Research Triangle Institute tramite il Centers for Medicare & Medicaid Services (Grant HHSM-500-2005-0029I)
- National Center for Advancing Translational Sciences (Grant 3UL1TR001108-04S1)
- Indiana Clinical and Translational Sciences Institute tramite il National Center for Advancing Translational Sciences (Grant TR000006)
- Duke University tramite il National Center for Complementary & Integrative Health (Grant 3U54AT007748-05S1)
- National Center for Research Resources (Grant 3UL1RR025761-02S6)
- Radiological Society of North America tramite il National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (Grants HHSN268200800020C (Mod 0006), HHSN268201500247A)
- National Institute of Diabetes and Digestive and Kidney Diseases (Grant HHSN275201600752P)
- National Library of Medicine (Contracts NO1-LM-4-3510, N01-LM-6-3546, N01-LM-9-3517, N01-LM-3-3501, HHSN276200800006C, HHSN276201400138P, HHSN276201400239P)
- Foundation of Research and Education of AHIMA tramite Office of The Assistant Secretary for Planning and Evaluation (Grant HHSP2332007430EC)
- Office of the National Coordinator for Health Information Technology (Grant 90AX0021/01-00)
- U.S. Food and Drug Administration (Grants HHSF223201710178P, HHS223201810268P)

¹¹ Vreeman DJ, Chiaravalloti MT, Hook J, McDonald CJ. Enabling international adoption of LOINC through translation. J Biomed Inform. 2012 Aug;45(4):667-73. doi: 10.1016/j.jbi.2012.01.005. Epub 2012 Jan 21. [PubMed: 22285984]

- American Physical Therapy Association
- California HealthCare Foundation (Grant 17997)
- John A. Hartford Foundation of New York
- University of Utah (Grant 01 01486 5000 55600030 62100)
- bioMérieux
- Merck and Company, Inc.
- Becton, Dickinson and Company
- Lantana Consulting Group

Il presente lavoro ha avuto inizio ed è stato portato a termine sotto il patronato del Regenstrief Institute.

Il contenuto è di esclusiva responsabilità degli autori e non rappresenta necessariamente le opinioni ufficiali del National Institutes of Health.

Restiamo grati a Dr. Henrik Olesen per i suoi utili commenti e approfondimenti sulla codifica dei test di laboratorio. Dr. Olesen servì come presidente della Commission on Nomenclature for Properties and Units (1989) e membro della IUPAC - IFCC Commission on Nomenclature, Properties and Units (1988-1997).

1.2 Che cosa non fa parte del nome

I termini LOINC non sono pensati per trasmettere tutte le informazioni possibili su un test o un'osservazione. Essi, infatti, hanno solo lo scopo di identificare il risultato del test o l'osservazione clinica. Altri campi nel messaggio possono trasmettere l'identità del laboratorio di origine e dettagli speciali sul campione. Ad esempio, il codice del risultato può identificare un'emocultura, ma il codice sorgente del messaggio può essere più specifico e identificare il campione come pompa ematica.

Il livello di dettaglio nel nome completo di LOINC (*Fully Specified Name*) era volto a distinguere i test che sono di solito identificati come risultati di test separati all'interno del file master dei sistemi di laboratorio esistenti. In effetti, all'inizio, sono stati utilizzati i file master di sette laboratori statunitensi per dare forma a questo tentativo e le richieste di laboratori commerciali e ospedali continuano a modellare il contenuto di LOINC. Per cui, ci sono dei parametri e descrizioni riguardanti l'esecuzione dell'esame che sono appositamente esclusi dal Fully Specified Name (FSN) dell'esame. Questi parametri saranno tipicamente riportati in campi separati (attributi) in un messaggio di referto di un'osservazione/esame, non come parte del nome dell'osservazione. Gli attributi che escludiamo esplicitamente dal nome interamente specificato sono:

- lo strumento usato in fase di test;
- dettagli specifici sul campione o il luogo di raccolta, come ad esempio “fossa antecubitale destra”;
- la priorità dell'esame, per esempio, se di urgenza o di routine;
- chi ha verificato il risultato;
- la dimensione del campione raccolto;
- il luogo in cui viene eseguito l'esame (per es. casa, capezzale, laboratorio clinico).

Nel caso di esami di laboratorio, il nome include informazioni che identificano il tipo di campione. Tuttavia, la parte “campione” del nome non è pensata per riportare tutte le informazioni possibili sul campione, ma soltanto quelle sufficienti per indicare differenze significative nel risultato e per riflettere l'uso corrente nei nomi degli esami. Per esempio, i laboratori solitamente definiscono *sodio nelle urine*, *sodio nel sudore*, e *sodio nel siero* come esami differenti perché ciascuno di questi ha un range standard distinto. Ma i laboratori non definiscono esami differenti per distinguere la concentrazione di *sodio sierico arterioso* da *sodio sierico venoso*, anche se il laboratorio può riportare che il campione era venoso o arterioso in un'altra parte del referto. Siamo guidati dalla pragmatica dell'uso convenzionale. Se i laboratori definiscono esami separati per le stesse misurazioni fatte su campioni differenti (questo solitamente implica una differenza di range standard ben definita), definiremo differenti esami “con risultati” nel nostro catalogo. Altrimenti, non lo faremo.

La misura in cui includiamo i metodi come parte del nome è anch'essa guidata dalla pragmatica. Distinguiamo esami/osservazioni in base al tipo di metodo impiegato per produrre i risultati soltanto se un dato tipo di metodo

ha un effetto importante sull'interpretazione del risultato. Questo è un argomento complesso ed è difficile descrivere pienamente la nostra logica in questa guida. Dove i laboratori non tendono ad includere il metodo nel nome (per esempio, per la maggior parte dei test chimici), non includiamo il metodo nel nome. Dove tendono ad includerlo (per esempio, in immunochimica) noi lo includiamo. Per alcuni esami, questo può essere giustificato dalla standardizzazione dei metodi per produrre risultati "equivalenti", e talvolta dalle numerose variabili (metodo, reagente), che non si può mai sperare di rappresentare completamente in un singolo nome. Tuttavia, anche quando distinguiamo questi casi, lo facciamo per tipo di metodo, non secondo una distinzione per metodo più dettagliata possibile. (Vedi sezione 2.7, Tipo di Metodo, per maggiori dettagli.)

Il *College of American Pathologists* produce delle sintesi statistiche dei risultati per le misurazioni di campioni standard ripartiti per laboratorio e per strumento o procedura. (Queste sono chiamate indagini CAP.) Abbiamo considerato la possibilità di usare questi dati di indagine CAP per decidere empiricamente quando i nomi degli esami dovrebbero essere distinti in base al metodo, ma abbiamo deciso che questo non era fattibile perché molte delle differenze apparenti nel metodo ottenute con i campioni standard erano artefatti della matrice campione e non si applicavano ai campioni di siero. Inoltre, la variazione fra i laboratori era spesso della stessa entità della variazione fra i metodi all'interno dei laboratori per lo stesso metodo.

Non intendiamo sottovalutare l'importanza delle differenze di metodo. Il messaggio di risultato includerà comunque informazioni sul range standard per quel particolare esame, il laboratorio di origine e, se il laboratorio lo desidera, informazioni specifiche sul metodo. Comunque, questa informazione è riportata in campi separati nel messaggio HL7 (per esempio, il segmento OBX-17 può portare informazioni relative al metodo molto dettagliate). Non è, quindi, integrata nei nomi degli esami.

1.3 Scopo di LOINC

L'attuale campo di applicazione della parte di laboratorio esistente del database di LOINC comprende tutte le osservazioni riportate dai laboratori clinici, comprese le aree di specializzazione: chimica, compreso il monitoraggio terapeutico dei farmaci e tossicologia; ematologia; sierologia; banca del sangue; microbiologia; citologia; patologia chirurgica; e fertilità. Sono stati anche inclusi un gran numero di termini usati in medicina veterinaria. Inoltre, il campo di applicazione include quelle misurazioni non-esami che sono comunemente richieste per interpretare i risultati degli esami e sono di solito incluse come parte del referto con le osservazioni di laboratorio. Esempi includono:

- per pap-test cervicali, la fase del ciclo mestruale o l'uso di estrogeni
- per i gas di sangue arterioso, l'ossigeno inspirato
- per le concentrazioni farmacologiche usato in farmacocinetica, la dose
- per una banca del sangue, il numero di unità dispensate

Il rilascio di giugno 2000 conteneva la nostra prima iniziativa di includere batterie di set di prescrizioni. I codici LOINC esistenti potevano sempre essere usati per richiedere esami specifici, ma prima del 2000 non esisteva un meccanismo per usare i codici LOINC per richiedere un set di osservazioni.

La parte clinica del database LOINC copre esami, misurazioni, e altre osservazioni su un paziente che possono essere fatte senza estrarre un campione. LOINC ha codici per le osservazioni come parametri vitali, emodinamica, di assunzione/produzione, ECG, ecografia ostetrica, ecocardiogramma, imaging urologica, procedure gastro-endoscopiche, gestione del ventilatore polmonare, odontoiatria, studi radiologici, documenti clinici, strumenti d'indagine selezionati (es. punteggio coma di Glasgow, PHQ-9 scala di depressione, CMS – strumenti di valutazione del paziente), e altre osservazioni cliniche.

2 Parti principali di un termine LOINC

Un termine LOINC è definito come la combinazione di un codice LOINC e del Fully Specified Name (FSN).

Il codice LOINC è un identificatore univoco, permanente. Esso non ha una struttura intrinseca ad eccezione dell'ultimo carattere nel codice che è una mod 10-check digit. L'algoritmo per calcolare questa check digit è disponibile nell'Appendice C. Tutta la struttura associata ad una singola entità LOINC è memorizzata in altri campi nel database LOINC.

Il FSN di un risultato di esame o di un'osservazione clinica ha cinque o sei parti principali che comprendono: il nome del Component o analita misurato (es. glucosio, propranololo), la proprietà osservata (es., concentrazione di sostanza, massa, volume), il tempo della misurazione (es., è nel corso del tempo o momentaneo), il tipo di campione (es., urina, siero), la scala di misurazione (es., qualitativa contro quantitativa), e dove rilevante, il metodo della misurazione (es., radioimmunologico, immuno blot).

Il carattere due punti, “ : ”, è parte del nome ed è usato per separare le parti principali del nome.

<Analyte/component>:<kind of Property of observation or measurement>:<Time aspect>:<System (sample)>:<Scale>:<Method>

<Analita/component>:<tipo di proprietà dell'osservazione o misurazione>:<aspetto temporale>:<sistema (campione)>:<scala>:<metodo>

Nota

Ogni attributo del Fully Specified Name LOINC diverso dal metodo deve essere valutato per ogni termine LOINC attivo. In alcuni casi, come per i termini del panel, uno o più valori dell'attributo possono essere un trattino (-), ma nessuno degli attributi primari, diversi dal metodo, dovrebbe avere valori nulli. Non abbiamo dichiarato una definizione di specifica del file che richieda un valore per i nomi di questi campi poiché erano nulli per alcuni termini obsoleti, deprecati. Nel raro caso in cui un nuovo termine venga rilasciato senza un valore di attributo, tale termine sarà deprecato e un nuovo termine verrà creato in sostituzione.

La prima parte del nome può essere ulteriormente divisa in tre sottoparti, separate dall'accento circonflesso (^). La prima sottoparte può contenere livelli multipli di specificazione tassonomica crescente, separati da punti (.). Anche le terze e le quarte parti del nome (aspetto temporale e System/campione) possono essere modificate da una seconda sottoparte, separata dalla prima sempre da un accentto circonflesso (^). Nel caso dell'aspetto temporale, il modificatore può indicare che l'osservazione è selezionata sulla base del criterio specificato (massimo, minimo, medio, ecc.); nel caso di System, il modificatore identifica l'origine del campione se non si tratta del paziente (per esempio, donatore di sangue, feto, unità prodotto sangue). La struttura gerarchica è delineata nella Tabella 1, con riferimenti ai numeri della sezione in cui ogni oggetto è spiegato nel dettaglio.

Tabella 1: Struttura gerarchica dei nomi di analita pienamente specificati	
Nome Sottoparte	Sezione
Component/analita	2.2
Nome e modificatore	2.2.1
Nome del component/analita	2.2.1.1
Sottonome del component/analita	2.2.1.2
Sotto-sottonome del component/analita	2.2.1.3
Informazioni sul test di provocazione (es., 1h post 100 gm per os)	2.2.2
Adattamenti/correzioni	2.2.3
Tipo di Proprietà (concentrazione di massa, massa)	2.3
Aspetto del Tempo (tempo) (punto o momento nel tempo vs. intervallo temporale)	2.4
System (sistema)/tipo di campione (urina, siero)	2.5
“Super System” (paziente, donatore, unità prodotto sangue)	2.5.2
Tipo di Scala (nominale, ordinale, quantitativa)	2.6
Tipo di Metodo (metodo)	2.7

Abbiamo usato Tietz¹², Henry¹³, IUPAC¹⁴, EUCLIDES¹⁵, libri di testo di microbiologia diagnostica quali Mahon and Manuselis¹⁶, l’American Association of Blood Banking¹⁷, ed altre fonti nonché l’esperienza di individui o del comitato per scegliere nomi preferiti.

Esempi di fully specified LOINC names:

Sodium:SCnc:Pt:Ser/Plas:Qn	Sodio:SCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn
Sodium:SCnc:Pt:Urine:Qn	Sodio: :SCnc:Pt:Urine:Qn
Sodium:SRat:24H:Urine:Qn	Sodio:SRat:24h:Urine:Qn
Creatinine renal clearance:Vrat:24H:Ur+Ser/Plas:Qn	Creatinina, clearance renale: VRat:24h:Urine+Siero/Plasma:Qn
Glucose^2H post 100 g glucose PO:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn	Glucosio^2h post 100 g glucosio per os:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn
Gentamicin^trough:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn	Gentamicina^valore minimo:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn
ABO group:Type:Pt:Bld^donor:Nom	Gruppo ABO :Tipo:Pt:Sangue^donatore:Nom
Body temperature:Temp:8H^max:XXX:Qn	Temperatura corporea:Temp:8h^max:XXX:Qn
Chief complaint:Cerca:Pt:Patient:Nar:Reported	Principale sintomo riferito:Osservazione:Pt: ^Paziente:Nar:Riportato
Physical Cercaings:Cerca:Pt:Abdomen:Nar:Observed	Osservazioni fisiche:Osservazione:Pt:Addome:Nar:Osservato
Binocular distance:Len:Pt:Head^fetus:Qn:US.measured	Distanza binoculare:Len:Pt:Testa^feto:Qn:US.misurata

¹² Burtis CA, Ashwood ER, Burns DE (editors). Tietz Textbook of Clinical Chemistry, 5th ed. Philadelphia: W.B. Saunders; 2013.

¹³ Henry JB. Clinical Diagnosis and Management by Laboratory Methods. Philadelphia:W.B. Saunders; 1994.

¹⁴ International Union of Pure and Applied Chemistry/International Federation of Clinical Chemistry. The Silver Book: Compendium of terminology and nomenclature of properties in clinical laboratory sciences. Oxford: Blackwell Scientific Publishers; 1995.

¹⁵ Euclides Foundation International. EUCLIDES Laboratory Investigation Codes. Available from Dr. Georges DeMoor, Euclides Foundation International nv, Excelsiorlaan 4A, B-1930, Zaventem, Belgium. Phone: 32 2 720 90 60.

¹⁶ Mahon CR, Manuselis G (editors). Textbook of Diagnostic Microbiology. Philadelphia:W.B. Saunders; 1995.

¹⁷ Walker RH. American Association of Blood Banks Technical Manual. 11th ed. Bethesda, MD: Amer Assoc of Blood Banks, 1993.

2.1 Convenzioni generali di denominazione

2.1.1 Abbreviazioni nei nomi del Component/analita

In generale, le abbreviazioni non dovrebbero essere usate nel Component (analita) del nome. Per esempio, si usa “totale”, “frazione”, “ossigeno”, “Alfa”, e “Beta”, piuttosto che “tot”, “fraz”, “O2”, “A-” e “B-”. Tuttavia, esistono poche eccezioni, come le abbreviazioni comunemente usate e mostrate nella Tabella 2.

Tabella 2: Esempi Abbreviazioni Component	
Abbreviazione	Nome completo
Ab	Anticorpo
Ag	Antigene
DANN	Acido deossiribonucleico
HIV	Virus dell'immunodeficienza umana
HLA	Antigeni umani complesso di istocompatibilità derivato
HTLV 1	Virus linfotropo di tipo I delle cellule T umane
Ig “X”	Immunoglobuline (es. IgG per immuno globulina G, IgM per immuno globulina M)
NOS	Non altrimenti specificato (NAS)
RNA	Acido ribonucleico
rRna	Acido ribonucleico ribosomiale

2.1.2 Regole generali di denominazione per il Component (analita)

- 2.1.2.1 Collocare l'identificatore della sostanza da misurare per primo. Questo significa “Epatite A, Anticorpi (Ab)” non “Anticorpi, Epatite A”.
- 2.1.2.2 Usare il nome generico di un farmaco, non il nome della marca, quando ci si riferisce alle concentrazioni di farmaco e alla suscettibilità antimicrobica, ad es. Propranololo e non Inderal. Di solito includeremo le marche o i nomi commerciali nel campo dei nomi correlati (sinonimi).
- 2.1.2.3 Usare il nome tassonomico intero di un organismo o il nome del virus (non la malattia) quando si descrive un esame che diagnostica quella malattia. Dire “*Rickettsia rickettsii*, Ab” e non “Febbre maculosa delle montagne rocciose, Ab”. Specificare “herpes simplex virus, Ab” e non “HSV, Ab.” Il nome della malattia dovrebbe essere incluso come un sinonimo nel campo del nome correlato.
- 2.1.2.4 Specie e gruppi di specie: SP identifica una singola specie la cui identità non è conosciuta. SPP identifica l'insieme delle specie sotto un genere. Tuttavia disponiamo di un terzo caso: in alcuni esami gli anticorpi si applicano a differenti ceppi di specie. Nelle malattie da rickettsia, gli anticorpi sono poi contro gruppi di specie, per esempio, il gruppo di tifo petecchiale o il gruppo di tifo. In questo caso usiamo gruppo di tifo petecchiale *Rickettsia* e gruppo di tifo *Rickettsia*.
- 2.1.2.5 Quando gli esami includono il nome di un batterio (per esempio, *Neisseria gonorrhoeae*, prova di DNA) per il nome LOINC formale usiamo il nome batterico intero dall'*International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*¹⁸. Quando include il nome di un virus (per esempio, *Nilo occidentale, virus, anticorpi IgM*), usiamo il nome virale come dato dall'*Index Virum*¹⁹.
- 2.1.2.6 Quando l'esame misura un antigene per una determinata specie di organismi ma la reattività incrociata è tale che sono identificati altri organismi, il nome dovrebbe essere quello dell'organismo principale obiettivo dell'esame.

¹⁸ Euzéby JP. List of bacterial names with standing in nomenclature: a folder available on the internet. Int J Syst Bacteriol 1997;47:590-592. [PubMed: 9103655]. (List of prokaryotic names with standing in nomenclature. [Update 2008 May 2, cited 2008 June]. Available from: <http://www.bacterio.net>).

¹⁹ Virus taxonomy: classification and nomenclature of viruses: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. (2012) Ed: King, A.M.Q., Adams, M.J., Carstens, E.B. and Lefkowitz, E.J. San Diego: Elsevier Academic Press. Available from: <https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>

- 2.1.2.7 Evitare “diretto” ed “indiretto” tranne che come parti dei nomi sinonimi. Evitare “coniugato” e “non coniugato” quando è disponibile un termine più preciso, come “glucuronidati” o “legato all’albumina”.
- 2.1.2.8 Usare “piastrine”, non “trombociti”.
- 2.1.2.9 Denominare le vitamine con il nome chimico. Per esempio, usare tiamina e non Vitamina B1, il nome che contiene “Vitamina” sarà incluso come sinonimo. Questo è l’unico approccio ragionevole perché tutte le vitamine hanno un nome chimico ma non tutte le vitamine hanno un nome di vitamina “numerato”.
- 2.1.2.10 Specificare sempre se gli esami sierologici misurano l’antigene o l’anticorpo, usando l’abbreviazione “Ab” per l’anticorpo e “Ag” per l’antigene. Rimuovere “anti” da “ANTI X Ab”. È ridondante ed oscura la parola più significativa nel nome. Quindi, “Anticorpo anti muscolo liscio” diventa “Anticorpo muscolo liscio”. Le abbreviazioni comuni o i nomi abbreviati, ad es. ANA per anticorpo anti-nucleare, si troveranno nel campo dei nomi correlati.
- 2.1.2.11 VDRL sarà chiamato Reagina Ab perché è ciò che è. Dovremo contare sui sinonimi e sugli pseudonimi per equiparare i nostri nomi “standardizzati” con i vecchi nomi.
- 2.1.2.12 Usare la forma del nome proprio dell’obiettivo dell’anticorpo, es. *Miocardio, Ab*, e non *Miocardico, Ab*.
- 2.1.2.13 Anione vs. acido: Usare sempre il nome dell’anione per i prodotti chimici, non il nome dell’acido, es, lattato, citrato, e urato, non acido lattico, acido citrico e acido urico. La forma “acida” del nome sarà inclusa nel campo dei nomi correlati del database.
- 2.1.2.14 Alcoli: Usare sempre i nomi di una sola parola per gli alcoli: metanolo, non alcool metilico; etanolo, non alcool etilico, e così via.
- 2.1.2.15 Precisare sempre OH come Idrossi, o come – ol, senza spazio o trattino fra Idrossi e la parola seguente.
- 2.1.2.16 Le lettere greche, alfa, beta, gamma, ecc., sono sempre precisate (es. alfa tocoferolo, non A-tocopherolo), con uno spazio tra la lettera greca precisata ed il resto del nome chimico.
- 2.1.2.17 Usare Ph, non log (H+).
- 2.1.2.18 Quando possibile, il Component conterrà il nome scientifico degli allergeni. NOTA: Questa è una nuova convenzione implementata da gennaio 2002.
- 2.1.2.19 Evitare l’uso della parola “totale” nei nomi degli esami di laboratorio, tranne quando indica il denominatore di una frazione. Quindi è Fosfatasi alcalina, e non Fosfatasi alcalina.totale, ma Fosfatasi alcalina.osso/Fosfatasi alcalina.totale.
- 2.1.2.20 Per i metaboliti di droghe, useremo la forma “nor” piuttosto che “desmetil”, per esempio, nordoxepina non desmetildoxepina.
- 2.1.2.21 Abbreviare le unità di tempo, come ad esempio “h” per ora, “gg” per giorno e “sett” per settimana. Questo vale solo per il tempo come unità di misura, ad esempio *negli ultimi 7 giorni*, e non quando l’anno o il giorno vengono utilizzati per fare riferimento a una data o a un costrutto di tempo generale, ad esempio *il prossimo anno*.

2.1.3 Punteggiatura nei nomi di analita

Un certo numero di nomi di analita include caratteri di punteggiatura quali virgole, per esempio, per identificare la posizione dei diversi gruppi alchilici in una catena di carbonio. Eviteremo caratteri speciali, quali ad esempio, virgole, trattini e parentesi, tranne dove sono inclusi nel nome specificato da IUPAC, dalla convenzione Chemical Abstract Service (CAS), o da un’altra convenzione internazionale. Così le virgole

compariranno in diverse sostituzioni delle catene alchiliche per lo standard CAS, i trattini compariranno nei nomi degli antigeni HLA e le parentesi (ovvero, parentesi tonde) compariranno nei nomi degli antigeni dei globuli rossi.

2.1.4 Uso maiuscole/minuscole

Tutti i nomi non fanno distinzione fra maiuscole e minuscole. Prima di dicembre 2006, usavamo caratteri maiuscoli nel database e nei nostri esempi, ma abbiamo effettuato un cambiamento verso caratteri misti per semplificare la leggibilità. Nei messaggi elettronici i mittenti ed i ricevitori possono usare caratteri maiuscoli, minuscoli o misti. Tuttavia, i significati non dovrebbero essere sensibili ai cambiamenti di carattere per evitare ogni possibilità di confusione quando l'informazione è trasmessa su reti che possono applicare cambiamenti di carattere. Per identificare le parti dei pochi nomi che per convenzione internazionale sono *case sensitive*, quali gli antigeni dei globuli rossi, usiamo la parola “minuscolo” davanti la lettera che è minuscola. Usiamo una convenzione simile per indicare gli apici con la parola SUPER. Vedi gli esempi in Tabella 3.

Tabella 3: Esempi convenzioni per la specificazione dei caratteri	
Nostre convenzioni	Standard caratteri misti
L little u super little a Lu ^a (L maiuscolo u minuscolo apice a)	Lu ^a
little i-1 subtype i minuscolo – 1 pedice	i-1 Subtype

2.1.5 Numeri romani vs. Numeri arabi

Quando possibile, i numeri saranno rappresentati nella loro forma araba. Tuttavia, quando il nome convenzionale usa numeri romani come è il caso per i fattori di coagulazione quale il fattore VIII, il nome primario LOINC userà i numeri romani e definiamo un sinonimo che contenga i numeri arabi.

2.1.6 Esponenti

Useremo la frase “esp” per indicare un esponente nel Component. Secondo il Code for Units of Measure (UCUM), gli esponenti sono tipicamente rappresentati con un asterisco (*) o carattere (^). Tuttavia, asterischi e accenti circonflessi hanno già entrambi significati definiti in LOINC. (Come descritto più avanti, gli asterischi sono utilizzati come variabili che riportano un'altra parte specifica del nome LOINC ed i caratteri vengono utilizzati come delimitatori di sottoparti). Per questo motivo, usiamo “esp” al fine di evitare ambiguità. Ad esempio, il concetto di “altezza elevata alla potenza di 2,72 è rappresentato come “height exp 2.7 – altezza esp 2,7”.

2.1.7 Uso della barra (/)

Nel Component, una barra (/) è usata per distinguere tra un numeratore e un denominatore (o divisore) per termini che rappresentano frazioni o rapporti. Per esempio, *Basofili/100 leucociti* rappresenta la frazione di basofili dalla popolazione madre di 100 leucociti, e *Lecitina/Sfingomielina* rappresenta il rapporto tra lecitina e sfingomielina. Nel System, viene usata una barra come congiunzione e significa “o”. Un esempio comune è *Ser/Plas*, che significa che siero o plasma è un campione adatto per misurare un determinato analita.

2.1.8 Uso di parentesi graffe {} nei nomi LOINC

Nella sezione 2.5 è descritto l'uso di XXX nel System quando il materiale non è noto o specificato altrove nel messaggio HL7/ASTM. In alcuni settori, in particolare le osservazioni cliniche, abbiamo adottato un nuovo stile di notazione con parentesi graffe per indicare che le informazioni sono fornite altrove.

Ad esempio, il termine LOINC 32491-3 rappresenta un'osservazione sul *riflesso tendineo profondo* in cui la posizione anatomica non è specificata nel nome del termine:

Deep tendon reflex:Find:Pt:{Reflex location}:Ord:Observed

Tali termini potrebbero essere usati in espressioni post-coordinate in cui il valore della “localizzazione del riflesso” è comunicato altrove. La notazione delle parentesi graffe presenta il vantaggio rispetto all'uso di XXX in alcuni casi perché consente un'indicazione più precisa dell'insieme di possibili entità che ci si aspetta da quella informazione. Nell'esempio di riflesso sopra, dire {localizzazione del riflesso} restringe l'insieme previsto di possibili valori fino a quelle regioni anatomiche in cui è possibile osservare un riflesso del tendine muscolare.

Abbiamo usato questa notazione principalmente nelle parti del System e del metodo del nome.

2.2 Component/analita (prima parte)

La prima parte principale si compone di tre sottoparti: (1) il nome principale (es. il nome dell'analita o della misurazione); (2) il tipo di provocazione, se rilevante, compreso il lasso di tempo, la sostanza di provocazione, la quantità somministrata, e la via di somministrazione; e (3) ogni standardizzazione o adattamento.

Le tre sottoparti della prima parte seguono questa sintassi:

<[analyte].[subclass].[sub-subclass]> ^

<[analita].[sottoclasse].[sotto-sottoclasse]>^

<[time delay] post [amount] [substance] [route]> ^
<adjustment>

<[lasso di tempo] post [quantità] [sostanza] [via]>^
<adattamento>

Nella suddetta sintassi, il carattere (^) è un delimitatore richiesto e il “punto” (.) separa il nome dell'analita dalle sue sottospecie.

Questa convenzione implica inoltre che punti (.) e caratteri (^) non possono essere parte formale di nessuna delle parole che sono connesse per mezzo di questi delimitatori.

Queste sottoparti sono descritte di seguito con maggior dettaglio, da sezione 2.2.1 a sezione 2.2.3.

2.2.1 Nome dell'Analita (prima sottoparte)

La prima sottoparte nomina l'analita, includendo ogni sotto-classificazione rilevante, separata dal nome principale dell'analita da punti.

2.2.1.1 Analita/Sottoclasse

Il nome principale (la prima sottoparte) può essere ulteriormente diviso per sottoclassi (es. Calcio è di per sé un Component, Calcio.ionizzato nomina un altro esame che misura una sottoclasse di calcio.) Le sottoclassi sono separate da punti. Esempi di comuni sottoclassi includono: legato, libero e biodisponibile; ionizzato e non-ionizzato; glicato, glucuronidato e non glucuronidato; IgA, IgD, IgE, IgG, e IgM come modificatori che indicano le sottospecie di anticorpi. Si noti che bio-disponibile si distingue da libero includendo sia frazioni libere che parzialmente legate.

Se l'anticorpo proviene da una particolare sottoclasse di anticorpi bisogna specificare il tipo di immunoglobulina (IgM, IgG, IgA o IgD) es. *Ab.IgG virus dell'Epatite A*, *Ab.IgM virus dell'Epatite A*. Se più di una sottoclasse di immunoglobulina viene inclusa nella misurazione, vengono tutte elencate nella

sottoclasse, es. “Ab.IgG+IgM virus parotite” con un segno più (+) per separare le sottospecie. Non ci dovrebbe essere nessuno spazio tra il segno più e le parole che esso connette.

Se due analiti sono misurati come una sola quantità, entrambi dovrebbero essere nominati e il Component separato da un segno più, ad es. *Ciclosporina+metaboliti* o *Papilloma Virus Umano DNA 16+18+31+33+35+45+51+52+56*.

Se analiti multipli sono misurati separatamente, allora essi sono separati dal simbolo di “e commerciale” (&) circondato da spazi. Due casi che utilizzano la convenzione “&” sono i nomi dei termini del panel e dei termini delle impressioni.

La denominazione dei termini del panel è descritta in modo più completo nella Sezione 8, ma qui descriviamo il suo uso della “&”. Gli elementi figlio enumerati di un panel sono misurati ciascuno individualmente, quindi spesso usiamo la “&” nel nome del termine principale (il termine del panel), ad esempio il *panel gruppo AB0 & Rh*. Questo esempio particolare del gruppo AB0 & Rh illustra anche come i termini del panel che usano la “e commerciale” sono diversi da un termine di osservazione con la “e commerciale”. Il panel gruppo AB0 & Rh è collegato a due codici di osservazione separati, uno per AB0 e un altro per il gruppo Rh, che portano ciascuno il proprio risultato. Un termine di osservazione del gruppo AB0 & Rh porterebbe a un risultato combinato (ma misurato separatamente) (ad es. A positivo). Entrambi i termini potrebbero essere utilizzati nell'ordinamento, a seconda dell'approccio di reporting.

Nota

In generale, si consiglia di utilizzare termini di osservazione separati per i risultati misurati separatamente. Termini LOINC precedenti per test che producono risultati individuali per due o tre analiti sono stati talvolta modellati in LOINC come un singolo termine con più analiti separati da “&”. La lista delle risposte associata a tali termini includerebbe i valori di risposta che combinano i risultati di più analiti. Andando avanti, solo i test che producono veramente un singolo risultato saranno modellati in questo modo; in caso contrario, verrà creato un panel con termini figli individuali per ciascun risultato separato.

I termini delle impressioni possono anche usare la “&”, ad esempio gli anticorpi Ab.IgM del virus dell'epatite A & l'impressione totale. Nel caso dell'impressione dell'anticorpo epatite, sia l'anticorpo IgM che l'impressione totale sono descritti separatamente.

In alcuni casi, i componenti panel o impressioni contengono sia un segno più (+) che una e commerciale (&), ad esempio il Papilloma virus umano 16 & 18 & 31 + 33 + 35 + 39 + 45 + 51 + 52 + 56 + 58 + 59 + 66 + 68 impressione del DNA. In questo esempio, le impressioni HPV 16 e HPV 18 sono entrambe descritte separatamente, così come l'impressione per il gruppo HPV 31 + 33 + 35 + 39 + 45 + 51 + 52 + 56 + 58 + 59 + 66 + 68, che è misurato come una singola quantità.

2.2.1.2 Divisore

Alcuni analiti contengono un divisore, che rappresenta il denominatore di un risultato che è espresso come una frazione o un rapporto. Il numeratore non ha un nome separato perché per impostazione predefinita l'analita è il numeratore per tutti i termini.

In analiti che hanno un divisore, il numeratore è separato dal divisore da una barra (/). Ad esempio, nell'analita Albumina/Proteina.totale, il numeratore è Albumina e il divisore è Proteina.totale, in modo che l'analita complessivo rappresenti l'albumina come una frazione della proteina totale. Allo stesso modo, Albumina/Creatinina rappresenta il rapporto tra albumina e creatinina. Si noti che nel primo caso, la proprietà sarebbe un tipo di frazione, poiché l'albumina è un tipo di proteina (cioè l'albumina rappresenta una frazione della proteina totale), mentre in quest'ultimo la proprietà sarebbe un tipo di rapporto, perché la quantità di albumina viene confrontata con la quantità di creatinina, ma nessuna delle due è un composto progenitore dell'altra.

2.2.2 Test di provocazione (seconda sottoparte)

La seconda sottoparte contiene l'informazione necessaria ad interpretare i test di "provocazione" (o di carico o di tolleranza). Variabili che riportano il risultato di una misurazione rilevata ad una certa distanza di tempo dopo la provocazione (ad esempio, glucosio dopo una prova orale di tolleranza al glucosio) devono essere distinte secondo il tipo di provocazione e il tempo trascorso dopo la provocazione. Pertanto, la seconda sottoparte ha una sotto-struttura che identifica l'intervallo di tempo o la differenza di tempo e la provocazione, usando la seguente sintassi, in cui la parola "post" (o baseline) è obbligatoria.

<time delay> "post" <challenge> <lasso di tempo> "post" <provocazione>

dove la provocazione può essere ulteriormente caratterizzata da

<amount given> <substance/treatment given> <route given>

<quantità somministrata> <sostanza/trattamento somministrato> <via di somministrazione>

Un esempio di un test di provocazione che usa tutte le parti sarebbe: *Aldosterone^1h post 25 mg captopril per OS*. L'intervallo di tempo segue la sintassi: n <S|M|H|D|W> in cui n è un numero (possibilmente un decimale); S indica secondi; M indica minuti; H indica ore; D indica giorni; e W indica settimane. Il lasso di tempo può essere preceduto da un segno Maggiore (>), ad es. >4h. La tabella 4 elenca alcuni possibili valori per l'intervallo temporale, ma qualsiasi specifica di tempo che segua la sintassi di cui sopra sarebbe legittima.

Oltre a specificare il tempo trascorso dalla provocazione, l'intervallo di tempo può essere utilizzato per indicare l'orario in cui è stata effettuata la misurazione, ad es. *Glucosio^10 AM campione*, o per specificare l'ordine dei campioni, ad es. *^primo campione*, *^secondo campione*. Usare questa sintassi per indicare campioni pre- e post-immunizzazione, campioni in fase di tossicità acuta e convalescenza, o una serie di campioni per i quali non sono disponibili informazioni più dettagliate.

Tabella 4: Esempi tempo trascorso dopo la provocazione

BS		Baseline (tempo appena prima della provocazione)	
PICCO		Tempo post somministrazione in cui il livello più alto di concentrazione del farmaco viene raggiunto (diverso a secondo del farmaco)	
VALORE MINIMO		Tempo post somministrazione in cui il livello più basso di concentrazione del farmaco viene raggiunto (diverso a secondo del farmaco)	
RANDOM		Tempo dalla provocazione o dosaggio non specificato (casuale)	
n minuti/ore/giorni/settimane/mesi/ecc. dopo l'inizio della provocazione:			
1M	1 minuto post provocazione	6h	6 ore post provocazione
2M	2 minuti post provocazione	7h	7 ore post provocazione
3M	3 minuti post provocazione	8h	8 ore post provocazione
4M	4 minuti post provocazione	8h Turno	8 ore post provocazione, allineato con i turni di infermieri.
5M	5 minuti post provocazione	12h	12 ore post provocazione
6M	6 minuti post provocazione	24h	24 ore post provocazione
7M	7 minuti post provocazione	2gg	2 giorni
8M	8 minuti post provocazione	3gg	3 giorni
9M	9 minuti post provocazione	4gg	4 giorni
10M	10 minuti post provocazione	5gg	5 giorni
15M	15 minuti post provocazione	6gg	6 giorni
20M	20 minuti post provocazione	7gg	7 giorni
25M	25 minuti post provocazione	1sett	1 settimana
30M	30 minuti post provocazione	10gg	10 giorni
1h	1 ora post provocazione	2sett	2 settimane
1,5h	1,5 ore post provocazione	3sett	3 settimane
2h	2 ore post provocazione	4sett	4 settimane
2,5h	2,5 ore post provocazione	1 Mese	1 mese (30 giorni) dopo provocazione

3h	3 ore post provocazione	2 Mesi	2 mesi (60 giorni) dopo provocazione
4h	4 ore post provocazione	3 Mesi	3 mesi (90 giorni) dopo provocazione
5h	5 ore post provocazione		

La seconda sottoparte viene anche usata per descrivere misurazioni effettuate in un momento specificato dopo l'inizio del trattamento in corso, come ad es. dialisi peritoneale, es. Creatinina^12h post dialisi peritoneale. Più in generale, questa sintassi può essere usata per indicare che sono state riportate delle osservazioni, es. ^post parto, ^post chirurgia o ^post terapia con acido etilendiamminotetracetico (EDTA).

La sintassi della seconda sottoparte può essere specificata in diversi modi per indicare provocazioni di maggiore o minore specificità, in relazione alla quantità di dettagli di cui dispone il laboratorio riguardo il campione di provocazione.

Esempi del range di possibilità includono:

Tabella 5: Esempi di sottoparti per la provocazione						
Analita	“^”	Tempo	“Post”	Quantità	Sub/Tratt	Via di somministrazione
11-Deossicortisolo	^	8h	Post	30 mg/kg	Metirapone	per os
Corticotropina	^	45M	Post	dosaggio u/kg	Insulina	EV
Ascorbato	^		Post	dosaggio		per os
11-Deossicortisolo	^	Secondo campione	Post		XXX provocazione	
17-Idrossiprogesterone	^	6h	Post		XXX provocazione	
11-Deossicortisolo	^		Post		XXX provocazione	
Calcio	^	12h	Post		Digiuno	
C-peptide	^		Post		Digiuno	

Denotiamo la via di somministrazione della provocazione secondo HL7 Versione 2.3 “abbreviazioni per le vie di somministrazione dei farmaci” (Tabella 6).

Una via orale di somministrazione sarebbe indicata da “per os”²⁰, una via endovenosa da “EV”.

Tabella 6: Esempi di abbreviazioni per la via di somministrazione di test di provocazione (da HL7 v.2.3, Capitolo 4)			
Abbreviazione	Descrizione provocazione	Abbreviazione	Descrizione provocazione
AP	Applicare esternamente	MM	Membrana Mucosa
B	Buccale	NS	Nasale
DT	Dentale	NG	Naso gastrico
EP	Epidurale	NP	Cannula nasale
ET	Intubazione endotracheale	NT	Intubazione nasotracheale
GTT	Intubazione gastrica	OP	Oftalmico
GU	Irrigazione genito-urinaria	OT	Otico
IMR	Immersione parti del corpo	OTH	Altro/Miscellanea
IA	Intra-arterioso	PF	Perfusione
IB	Intrabursale	PO	Orale
IC	Intracardiaco	PR	Rettale
ICN	Intracervicale (utero)	RM	Maschera respiratoria
ID	Intradermico	SD	Medicazione imbevuta
IH	Inalazione	SC	Sottocutaneo
IHA	Arteria intra-epatica	SL	Sublinguale
IM	Intramuscolare	TRH	Fattore di liberazione della tireotropina

²⁰ L'abbreviazione “per os” (dal latino *per ora*) è utilizzata per identificare i farmaci assunti per via orale.

IN	Intranasale	TP	Topico
IO	Intraoculare	TRA	Tracheostomia
IP	Intraperitoneale	TD	Transdermico
IS	Intrasinoviale	TL	Translinguale/ Attraverso la lingua
IT	Intratecale	UR	Uretrale
IU	Intrauterino	VG	Vaginale
IV (EV)	Intravenoso/Endovenoso	VM	Ventimask/Maschera di Venturi
MTH	Bocca/Gola	WND	Ferita

Esempi:

Glucose^30M post 100 g glucose PO:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Glucosio^30M post 100 g glucosio per os:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn

Gentamicin^trough:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Gentamicina^valore minimo:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn

Per le misurazioni della concentrazione massima del farmaco (picco – ottenuta ad un tempo che si presume rappresenti la concentrazione massima) e la concentrazione minima (valore minimo ottenuto ad un tempo che si presume rappresenti la concentrazione minima) la natura della sostanza da carico è uguale al nome dell'analita e non ne necessita l'inclusione.

2.2.2.1 Riportare la misurazione baseline come parte di un test di provocazione

Attraverso LOINC 2.52 siamo stati in grado di definire un termine LOINC *baseline* per diverse batterie di test di provocazione quando la provocazione viene somministrata con lo stesso dosaggio e via di somministrazione. Quindi, definiamo un esame baseline per il test orale di tolleranza a 100 g di glucosio a prescindere dal numero di misurazioni separate definite nella batteria:

Glucose^pre 100 g glucose PO

Glucosio^pre 100g glucosio per os

Un laboratorio potrebbe, ad esempio, usare questo stesso identificatore di test per identificare il risultato baseline per un test di tolleranza al glucosio a due ore e a tre ore.

Tuttavia, il numero e la varietà delle provocazioni è in rapido aumento. Nel corso del tempo è sembrata impraticabile la creazione di un termine LOINC *baseline* per ciascun dosaggio e via di combinazione. Inoltre, le misurazioni *baseline* non subiscono l'influenza della provocazione successiva e potrebbero – in principio – essere riportate semplicemente come misurazioni “disadorne” senza una relazione specificata per le provocazioni future. Pertanto stiamo considerando solo la creazione di termini LOINC *baseline* generici “pre-provocazione”, ad esempio Glucosio^pre-provocazione. Per questi termini, gli specificatori della provocazione saranno riportati in un altro campo.

2.2.2.2 Test di provocazione fisiologici

Alcuni test di provocazione sono definiti in termini di uno stress fisiologico e non in termini di una dose di una sostanza chimica. Attualmente, i nomi LOINC coprono digiuni (nessun apporto calorico), sforzo e digiuno da liquidi. Queste provocazioni sono rappresentate dai codici evidenziati nella Tabella 7.

Nel caso di tali provocazioni, la sintassi include anche la durata della provocazione. Ad esempio:

post <duration><physiologic challenge>

post<durata><provocazione fisiologica>

Triglyceride^post 12H CFst

Trigliceridi^post 12h digiuno

Tabella 7: Esempi natura del test di provocazione	
Tipo	Descrizione
CFst	Digiuno. Nessun apporto calorico (cibo) per il periodo specificato nella parte del termine che indica il tempo es: Post 12h digiuno
Sforzo	Sforzo praticato come provocazione (può essere quantificato)

FFst	Digiuno da liquidi. Nessun apporto di liquidi per la durata del periodo specificato.
-------------	--

La struttura di denominazione è esattamente analoga a quella per i test di provocazione chimici. Un test per glucosio dopo 12 ore di un digiuno calorico sarebbe rappresentato come segue:

Glucose^post 12H CFst:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Glucosio^post 12h digiuno:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn

Un test per osmolalità dopo 12 ore di digiuno da liquidi sarebbe:

Osmolality^post 12H FFst:Osmol:Pt:Urine:Qn

Osmolalità^post 12h digiuno da liquidi:Osmol:Pt:Urine:Qn

Un test per trigliceridi dopo 12 ore di digiuno calorico sarebbe rappresentato come segue:

Triglyceride^post 12H CFst:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Trigliceridi^post 12h digiuno:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn

Due durate possono essere rappresentate in un'unica specifica, ad esempio:

Cortisol^1.5H post 0.05-0.15 U insulin/kg IV post 12H CFst:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Cortisolo^1,5h post 0,05-0,015 U insulin/kg EV post 12h digiuno:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn

Le nostre regole per la denominazione dei test di provocazione funzionano bene soltanto quando c'è un singolo intervento seguito da un test per uno o più componenti nel corso del tempo. I test di provocazione complessi, che riguardano più di un intervento oppure tecniche di campionamento complicate richiedono un nome unico, però il nome potrebbe non fornire una descrizione esaustiva di tutti i parametri del test.

2.2.2.3 Riportare le caratteristiche di una provocazione in forma di osservazioni separate

Poiché non possiamo anticipare ogni tipo di provocazione e via di somministrazione, e dato che alcuni test di provocazione non hanno un dosaggio usuale, alcuni di essi non includeranno un dosaggio. Osservazioni di provocazioni che non includono un dosaggio specifico nel nome hanno la parola "dose" nello spazio dove normalmente si troverebbe un dosaggio in forma numerica. La forma generale è:

<analyte>^<time> post dose <route>

<analita>^<durata> post dose <via di somministrazione>

Esempi:

Glucose^1H post dose insulin IV:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Glucosio^1h post dose insulina EV:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn

Il dosaggio effettivo potrebbe essere inoltrato in forma di commento oppure come "test" separato, il quale riporta il dosaggio come proprio valore. Per venire incontro ai laboratori che desiderano trasmettere un dosaggio di provocazione rilevante in forma di osservazione separata, definiamo anche nomi (e codici) separati di test per riportare tali dosaggi. Il dosaggio potrebbe essere poi trasmesso da parte del servizio di refertazione come risultato separato in un segmento OBX separato.

Il nome dell'osservazione che identifica il valore del dosaggio avrebbe la seguente forma:

<drug or challenge substance>: <time> post dose <challenge substance>

<farmaco o sostanza di provocazione>:<durata>post dose<sostanza di provocazione>

Esempi:

Glucose.PO:Mass:Pt:Dose:Qn

Glucosio.per os:Massa:Pt:Dose:Qn

Gentamicin:Mass:Pt:Dose:Qn

Gentamicina:Massa:Pt:Dose:Qn

Quindi, facciamo la distinzione tra una concentrazione di farmaco e il relativo dosaggio tramite il System (campione), quarta parte del nome del test (vedi Sezione 2.5). Si possono trovare le osservazioni che riportano il dosaggio di farmaci o di provocazioni raggruppate nella classe FARMACO.DOSE nel database LOINC.

Questo approccio comporta i vantaggi di parsimonia e di praticità. Fornisce anche un ID di osservazione per l'elemento di informazione che deve essere trasmesso insieme alla richiesta di osservazione.

Altri esempi:

Oxygen:Ppres:Pt:BldA:Qn

Ossigeno:Ppres:Pt:Sangue Art:Qn

Unità di esempio: litri /minute o millilitri/secondo

Oxygen inhaled mechanism:Type:Pt:Dose:Nom

Meccanismo ossigeno inalato:Tipo:Pt:Dose:Nom

Commento: da riportare il tipo di meccanismo di somministrazione, es. cannula nasale

Un approccio analogo viene adoperato per riportare molti tipi di variabili associate quando esse non sono convenzionalmente incorporate nel nome. Adottiamo questo approccio in parte perché esistono troppi livelli di variabili e non risulta fattibile rappresentarli tutti.

2.2.2.4 Specificazioni generiche della provocazione

Il range di specificità per le provocazioni si estende dall'interamente specificato al molto generico.

Alcune provocazioni saranno interamente specificate come descritto sopra, es. ^30M post 100 g glucosio per os. Includeremo anche: provocazioni senza la quantità specificata, es. ^30M post dose glucosio; quelle che specificano il tempo trascorso, ma non una provocazione specifica, es. ^1h post XXX provocazione; quelle che non specificano il tempo esatto, ma che forniscono informazioni della richiesta, es. ^2° campione post XXX provocazione; o, ancora più genericamente, ^ post XXX provocazione. Queste ultime varianti sono necessarie per provocazioni che non si inseriscono in nessun protocollo comune oppure rinvii a laboratori di referenza là dove il protocollo di studio non viene riportato

2.2.2.5 Fase acuta e fase di convalescenza, prima e dopo l'immunizzazione

Per poter valutare l'efficacia delle immunizzazioni, noi misuriamo i livelli di anticorpi prima e dopo l'immunizzazione; in modo simile, otteniamo prova di infezioni acute tramite la valutazione di screening nella fase acuta e nella fase di convalescenza. Entrambi questi casi vengono riportati tramite la sintassi "primo campione, secondo campione", ad esempio:

Acute specimen, 1st specimen, pre-immunization specimen:

Streptococcus pneumoniae Ab.IgG^1st specimen:Acnc:Pt:Ser:Qn

Campione fase acuta, 1° campione, campione pre-immunizzazione:

Streptococcus pneumoniae Ab.IgG^1° campione:Acnc:Pt:Ser:Qn

Convalescent specimen, 2nd specimen, post-immunization specimen:

Streptococcus pneumoniae Ab.IgG^2nd specimen:Acnc:Pt:Ser:Qn

Campione convalescenza, 2° campione, campione post-immunizzazione:

Streptococcus pneumoniae Ab.IgG^2° campione:Acnc:Pt:Ser:Qn

2.2.3 Adattamenti/Correzioni (terza sottoparte)

La terza sottoparte del Component contiene calcoli che adattano o correggono alcuni valori misurati. Usiamo questa sottoparte per distinguere i valori adattati o corretti dalla misurazione non corretta, es., la conta cellulare corretta dalla conta cellulare approssimativa. Poiché questi attributi sono unici per ogni misurazione, saranno delle brevi frasi di testo a definire il contenuto della terza sottoparte piuttosto che un vocabolario controllato. Tuttavia, una volta definito, tale test avrà un codice LOINC unico e il significato sarà stabilito dal testo nella terza parte.

Esempi:

Calcium.ionized^^adjusted to Ph 7.4:SCnc:Pt:Ser/Plas:Qn

Calcio ionizzato^^aggiustato a Ph 7.4:SCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn

Leukocytes^^corrected for nucleated erythrocytes:NCnc:Pt:Bld:Qn

Leucociti^^corretti per eritrociti nucleati:NCnc:Pt:Sangue:Qn

2.2.4 La distinzione di valori multipli per qualsiasi prova tramite il nome del test (quarta sottoparte)

I messaggi HL7 permettono di trasmettere risultati multipli per una singola osservazione. Alcuni sistemi, però, non sono in grado di distinguere risposte separate per osservazione, quindi hanno creato nomi dei test, quali organismo 1, organismo 2, o sostanza 1, sostanza 2 per riportare organismi o sostanze multiple identificati nei campioni. Noi non incoraggiamo questo genere di refertazione in quanto tale distinzione può essere più chiaramente realizzata usando un solo nome del test (es., organismo identificato) e il sotto ID HL7 per distinguere gli organismi/sostanze multipli. Tuttavia, abbiamo creato alcuni termini per agevolare i sistemi che incorporano la distinzione nei loro nomi dei test. La quarta sottoparte del nome del component permetterà di riportare osservazioni ripetute fatte nello stesso momento e/o sullo stesso campione.

Esempio:

Bacteria identified^^2:Prid:Pt:Stool:Nom:Culture

Batteri identificati^^2:Prid:Pt:Feci:Nom:Coltura

2.3 Tipo di Property (anche chiamato tipo di quantità) (Seconda parte)

La seconda parte del FSN distingue fra diversi tipi di quantità relativi alla stessa sostanza, es., la concentrazione di massa vs la concentrazione di sostanza (molare) di sodio in un campione di urina, o la conta assoluta degli eosinofili vs la percentuale della conta bianca totale che si compone di eosinofili. Il tipo di Proprietà (tipo di quantità) è un concetto IUPAC descritto nel Silver Book²¹. Noi includiamo la maggior parte dei tipi di IUPAC rilevanti nella tabella delle proprietà LOINC. Abbiamo anche una serie di proprietà, come PrThr (Presenza o Soglia), Tipo, Seq (sequenza nucleotidica) e Loc (posizione geografica), che vengono utilizzate in termini qualitativi. Altri esempi di Proprietà sono riportati nella Tabella 8. Il set completo di proprietà LOINC attive è disponibile nel file di parti LOINC e può essere identificato perché contengono un PartTypeName della proprietà.

2.3.1 Proprietà quantitative

2.3.1.1 Principali categorie di proprietà quantitative

Massa: Le osservazioni che vengono riportate con la massa (milligrammi, grammi, ecc.) nel numeratore delle loro unità di misura hanno proprietà che contengono la parola “massa”: mass content (contenuto di massa), mass concentration (concentrazione di massa), ecc.

Sostanza: Le osservazioni che vengono riportate con moli o milliequivalenti nel numeratore delle loro unità di misura hanno proprietà che iniziano con la parola “sostanza”

Attività catalitica: Le osservazioni che riportano attività enzimatica hanno proprietà che contengono la parola “catalitico”, es., catalytic concentration (concentrazione catalitica), catalytic content (contenuto catalitico).

Arbitrario: I risultati che riportano delle unità arbitrarie nel numeratore delle loro unità di misura hanno una proprietà inizia con la parola “arbitrario”.

Numero: Le conte sono associate a proprietà che iniziano con la parola “numero”, es., una conta ematica (di globuli bianchi) riportata come numero di globuli bianchi diviso volume di sangue, avrebbe proprietà Concentrazione Numerica.

2.3.1.2 Sottotipi di Categorie di proprietà quantitative

²¹ International Union of Pure and Applied Chemistry/International Federation of Clinical Chemistry. The Silver Book: Compendium of terminology and nomenclature of properties in clinical laboratory sciences. Oxford: Blackwell Scientific Publishers; 1995.

Ciascuna delle categorie di proprietà principali ha un numero di derivati: **concentration (concentrazione)**, **content (contenuto)**, **ratio (rapporto)**, **fraction (frazione)** e **rate (indice)**. (Vedi tabella proprietà LOINC (tabella 8)).

Concentrations (Concentrazioni): Una quantità diviso un volume. Le unità sono mg/dL o gm/L.

Contents (Contenuti): Una quantità diviso una massa. Le unità sono mg/gm o mg/proteine totali.

Ratios (Rapporti): Quando un risultato viene riportato come una misura diviso un'altra presa dallo stesso System (campione), la proprietà è un rapporto. Il rapporto di una concentrazione di massa di una sostanza A diviso la concentrazione di massa di creatinina in un campione di urina, ad esempio, è un mass ratio (rapporto di massa MRto). Il numeratore e il denominatore di un rapporto devono provenire dallo stesso System (campione). Se le misure provengono da diversi campioni, es., PT paziente/PT controllo o creatinina nel siero vs creatinina urinaria, si tratta di un relative ratio (rapporto relativo) (RelRto). Il rapporto di tempi in un controllo normale ed attuale (come in alcuni esami di coagulazione) sarà relative time (tempo relativo) (RelTime), un rapporto di concentrazioni di massa che provengono da due campioni diversi sarà relative mass concentration (concentrazione di massa relativa) (RelMCnc) e un rapporto di concentrazioni catalitiche da campioni diversi avrà la proprietà relative catalytic concentration (concentrazione catalitica relativa) (RelCCnc).

Fractions (Frazioni): Le frazioni sono rapporti di una parte su un tutto. Creatina chinasi.MB/ Creatina chinasi.totale, se misurata in grammi, è una mass fraction (frazione di massa MFr). Le frazioni sono, in genere, espresse in percentuale. In Canada e in altri paesi, le frazioni sono espresse come frazioni decimali. Per esempio, una saturazione O₂ del 95 % avrebbe come risultato 0,95. Per alcuni analiti, entrambi gli stili di riportare il risultato sono utilizzati in Canada, così ci hanno chiesto di distinguere le frazioni decimali dalle frazioni pure. A partire dalla versione di giugno 2012, ora includiamo termini che hanno “.DF” aggiunto alle proprietà delle frazioni esistenti. Ad esempio, alcuni termini ora hanno proprietà di “MFr.DF”, “SFr.DF”, “VFr.DF”, ecc. A causa della confusione che si verifica nei paesi che riportano i risultati sia come frazione decimale che come percentuale, queste proprietà sono state create per rappresentare le frazioni decimali che vengono riportati senza unità.

Rates (Indici): Un indice è una misura per un periodo di tempo, es., mg/giorno sarebbe un mass rate (indice di massa) (MRat). Le clearance hanno proprietà di volume rate (indice di volume), ma “Clearance” sarà incluso nel nome dell'analita per chiarire il significato, ad es.:

Sodium renal clearance:VRat:24H:Urine:Qn

Clearance renale del sodio: VRat:24h:Urine:Qn

Alcune misure non rientrano nello schema di cui sopra. Ad esempio, IUPAC descrive una quantità entitica. Questa si riferisce a misurazione per entità (es. Cellule, recettori e molecole). Le quantità entitiche hanno di solito unità che includono il nome di qualche entità, es., globuli rossi (“per 10⁶ globuli rossi”).

Bisogna fare attenzione quando si mappano le misure di costituenti di globuli rossi al codice LOINC poiché possono essere espresse in diversi modi, es., come una quantità “per massa di emoglobina”, “per litro di sangue” o “per globulo rosso”. La prima è un mass content (contenuto di massa), la seconda una mass concentration (concentrazione di massa) e l'ultima una entitic mass (massa entitica) (massa per entità) – sono tutte delle proprietà diverse.

L'industria farmaceutica ha bisogno di termini di laboratorio che non sono specifici per stabilire se il test misura una sostanza (concentrazione o tasso di sostanza) o massa (concentrazione o tasso di massa). Abbiamo creato termini con le proprietà di MSCnc o MSRat per rappresentare queste osservazioni di test più generali. Per impostazione predefinita, sia RELMA che l'applicazione di ricerca online (<http://search.loinc.org>) nascondono questi termini dai risultati della ricerca, i quali possono però essere visualizzati modificando le impostazioni del limite di ricerca in questi programmi.

Alcuni esami riportano il nome di un organismo (o riportato inizialmente la presenza di eventuali organismi, per poi dopo identificare il ceppo particolare), sostanza tossica, anticorpo o antigene, come risultato di test. Usare “Prid” (presenza o identità) come tipologia nel campo Proprietà per risultati di questo tipo.

Esempi:

Bacteria identified:Prid:Pt:Isolate:Nom:Bacterial subtyping

Batteri identificati:Prid:Pt:Isolato:Nom:Sottotipizzazione batterica

Barbiturates positive:Prid:Pt:Urine:Nom:Confirm

Barbiturici positivi: Prid:Pt:Urine:Nom:Conferma

Nota

Per gli order set/panel, il campo proprietà può contenere un trattino (-).

2.3.1.2.1 Concentrazione arbitraria (ACnc)

ACnc si riferisce al numero delle unità arbitrarie presenti in un volume (concentrazione arbitraria). All’inizio avevamo usato ACnc come una variabile “temporanea” per le osservazioni con risposte ordinali. Successivamente abbiamo optato per la sostituzione di ACnc sia con “Pr” (per i risultati semplicemente basati sul fatto che sia o no presente l’analita senza essere determinato da un valore di cut-off) o “Threshold” (per le osservazioni riportate come “positive” o “negative” basate su una soglia interna o cut-off). Nel momento in cui abbiamo aggiornato termini esistenti con il nuovo modello, in molti casi è sembrato difficile sapere in via definitiva come fossero determinati i risultati. Pertanto, come per la versione 2.56, abbiamo usato una singola proprietà di “PrThr” per presentare i risultati basati sia sulla presenza o assenza di un analita senza considerare se fosse basato o meno sul limite interno. Questo cambiamento è stato approvato dal Laboratory LOINC Committee a Giugno 2016. Il nome visualizzato continuerà a essere “Presence”. Tutti i termini esistenti con la Proprietà “ACnc”, “Pr” o “Threshold” e una Scala di “Ord” sono stati aggiornati per ottenere la Proprietà “PrThr” per la versione 2.56, così come è accaduto per un singolo termine con la Proprietà “Acnt”.

Esempi:

Clonazepam:PrThr:Pt:Ser/Plas:Ord

Clonazepam:PrThr:Pt:Siero/Plasma:Ord

Hepatitis B virus surface Ag:PrThr:Pt:Ser/Plas:Ord:Confirm

Epatitis B virus, superficie, Ag:PrThr:Pt:Siero/Plasma:Ord:Conferma

Burkholderia mallei:Pr:Pt:XXX:Ord:Organism specific culture

Burkholderia mallei:Pr:Pt:XXX:Ord:Organismo, coltura specifica

VKORC1 gene.c.1173C>T:Pr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

VKORC1 gene.c.1173C>T:Pr :Pt :Sangue/Tess :Ord :Molgen

La proprietà “Prid” continuerà ad essere utilizzata quando il risultato è selezionato da un elenco di organismi, come descritto sopra.

2.3.2 Proprietà qualitative

Le proprietà qualitative descrivono ciò che viene misurato per concetti clinici e di laboratorio non quantitativi. Tali proprietà descrivono un'ampia varietà di risultati, come la presenza o meno di un analita, il tipo specifico di analita rilevato, l'indirizzo di una persona, il numero di telefono o l'indirizzo di posta elettronica o un reperto clinico. Tre delle proprietà qualitative più comuni in LOINC sono PrThr, Prid e Type. Queste proprietà specifiche sono spesso fonte di confusione per gli utenti LOINC, quindi sono descritte più dettagliatamente in questa sezione.

2.3.2.1 PrThr

La proprietà PrThr sta per "Presenza o soglia", che significa a) la presenza o l'assenza effettiva di un analita, oppure b) che la quantità di analita rilevata supera una soglia predeterminata.

2.3.2.2 Prid

Prid, che sta per "Presenza o identità", viene utilizzato per analisi che rilevano la presenza o meno di un analita di un determinato tipo e, se lo è, per identificare l'analita specifico. Un esempio di un dosaggio che sarebbe

rappresentato da un termine LOINC con proprietà Prid è una coltura batterica. Quando viene eseguita una coltura, non è noto in anticipo se saranno presenti o meno batteri. Pertanto, un possibile risultato per una coltura batterica è "Nessuna crescita". Tuttavia, se si determina la presenza di uno o più tipi di batteri, viene determinata e riportata l'identità specifica (ad es. *Staphylococcus aureus*).

2.3.2.3 Type

La proprietà "Type" viene utilizzata per i test che identificano l'analita specifico nei casi in cui è nota la presenza di base dell'analita. Ad esempio, se un isolato noto per contenere *Streptococcus pneumoniae* viene ulteriormente analizzato per determinare il sierotipo specifico, il test sierotipo avrebbe una proprietà Type, non Prid, poiché la presenza dello *Streptococcus* è già nota.

2.3.3 Ulteriori esempi di proprietà LOINC

Una corretta assegnazione di proprietà tende ad essere il compito più difficile per i nuovi utenti di LOINC. La Sezione 4 fornisce ulteriori informazioni sulle proprietà per i termini clinici, e l'Appendice E fornisce ulteriori spiegazioni e molti esempi dettagliati.

Tabella 8: Esempi di Proprietà LOINC	
Attività Enzimatica	
CAct	*Attività Catalitica
CCnc	Concentrazione Catalitica
CRto	Rapporto Catalitica
CCnt	*Contenuto Catalitico
CFr	*Frazione Catalitica
CFr.DF	Frazione catalitica decimale
CRat	Indice Catalitico
RelCCnc	Concentrazione Catalitica Relativa
CSub	Sostanza catalitica
Entità	
EntCat	*Attività Catalitica Entità
EntLen	Lunghezza Entità
EntLogNum	Log Number Entitico
EntMass	Massa Entità
EntNum	*Numero Entitico
EntVol	*Volume Entitico
EntSub	Sostanza Entità
EntSRto	Rapporto Sostanza Entità
Massa	
Mass	Massa
Maric	Massa Areica
MCnc	*Concentrazione di Massa
MCnt	Contenuto di Massa
MDiff	Differenza di Massa
MFr	*Frazione di Massa
MFr.DF	Frazione di Massa Decimale
MFrDiff	Differenza Frazione di Massa
MRat	Indice di Massa
MRto	Rapporto di Massa
RelMCnc	*Concentrazione di Massa Relativa
RelMRat	Indice di Massa Relativa
ThrMCnc	* Soglia Concentrazione di Massa
MCncDiff	Differenza nella Concentrazione di Massa
MCPctDiff	Differenza in percentuale nella Concentrazione di Massa
Sostanza (Moli/Milliequivalenti)	
RelSCnc	*Concentrazione di Sostanza Relativa
Sub	*Quantità di Sostanza
SCnc	*Concentrazione di Sostanza

SRto	*Rapporti di Sostanza
SCnt	*Contenuto di Sostanza
SFr	*Frazione di Sostanza
SFr.Df	Frazione decimale di Sostanza
SRat	*Indice di Sostanza
RelSRat	Indice Sostanza Relativa
ThrSCnc	Soglia Concentrazione di Sostanza
ScncDiff	Differenza nella Concentrazione di Sostanza
LsCnc	Log Concentrazione di Sostanza
Conte	
Num	*Numero
Naric	Numero Areico (numero per area)
NCnc	*Concentrazione Numerica (conta/vol)
NCnt	Contenuto Numerico=Conta/Massa
NFr	*Frazione Numerica
NRat	Numero=Conta/Tempo
NRto	Rapporto Numerico
LnRto	Log Rapporto Numerico
LnCnc	Log Concentrazione Numerica
Volumi	
Vol	*Volume
VCnt	*Contenuto di Volume
VFr	*Frazione di Volume
VFr.DF	Frazione di Volume Decimale
VRat	*Indice di Volume
VRatCnt	Contenuto Indice di Volume
VRatRto	Rapporto Indice di Volume
VRto	*Rapporto di Volume
RelVol	Volume Relativo
RelVRat	Indice Volume Relativo
ArVol	Volume/Area
ArVRat	Indice Volume/Area
VFrDiff	Differenza nella Frazione di Volume
VPctDiff	Percentuale di Differenza di Volume
VRtoPctDiff	Percentuale di Differenza del Rapporto di Volume
Tempo	
ClockTime	Ora
Time	Durata temporale
TimeDif	Differenza nella durata temporale
TimeFr	Frazione di tempo
TRto	Rapporto temporale
TQ2	Quantità nel tempo 2
RelTime	*Tempo Relativo
Date	Data
DateRange	Range Temporale
DtTmRange	Intervallo di data e ora
TmMCnc	Concentrazione di massa nel tempo
TmStp	Time Stamp – Data e Ora
TmStpRange	Intervallo di time stamp
Unità di misura arbitrarie	
ACnc	Concentrazione Arbitraria
ACnt	Contenuto Arbitrario
ThrACnc	Soglia Contenuto Arbitrario
ARat	Indice Arbitrario
LaCnc	Log Concentrazione Arbitraria
RelACnc	Concentrazione Arbitraria Relativa
AFr	Frazione arbitraria
Altre Proprietà	
Accel	Accelerazione

Addr	Indirizzo
Anat	Anatomia
Angle	Angolo
Aper	Aspetto
Arb	*Arbitrario
Area	Area
ArArea	Frazione Area
AreaRto	Rapporto Area
Bib	Citazione Bibliografica
Circ	Circonferenza
CircFr	Frazione di Circonferenza
Class	*Classe
ColorRto	Rapporto Area
Compli	Conformità
CompliRto	Rapporto di Conformità
Cmplx	Complesso
Desc	Descrizione
Diam	Diametro
Dosage	Dosaggio
Elpot	Potenziale Elettrico (Voltaggio)
ElpotRar	Indice di Voltaggio (=Amperaggio)
ElpotRto	Rapporto potenziale elettrico
EmailAddr	Indirizzo di Posta Elettronica
ArEnrg	Energia/Area
EngCnc	Concentrazione di energia
EngCnt	Contenuto energetico
EngDiff	Differenza energetica
EngFr	Frazione di Energia
EngRat	Potenza = Energia/Tempo
RelEngRat	Potenza relativa
EngRatFr	Frazione Rapporto Energia
EngRto	Rapporto Energia
Enrg	Energia
Equ	Equazione
Fcn	Funzione
Cerca	Osservazione
FldConduct	Conduttanza Liquido
FldResist	Resistenza Liquido
Force	Forza Meccanica
Freq	Frequenza
Geno	Genotipo
Hx	Storia/Anamnesi
Imp	Impressione/interpretazione di studio
ID	Identificatore
Instrct	Istruzioni
InvLen	Lunghezza Inversa
Inverse VI	Volume Ispirato Inverso
Len	Lunghezza
LenFr	Frazione di Lunghezza
LenRto	Rapporto di Lunghezza
LogLenRto	Rapporto lunghezza log
ArLen	Lunghezza/Area
Likelihood	Probabilità
Loc	Posizione
LogInvPct	Registro percentuale inversa
LogRtoElp	Rapporto Log Potenzialità Elettrica
MoM	Multiplo della mediana
Morph	Morfologia
NumRange	Intervallo numerico

OD	Densità ottica
Osmol	*Osmolalità
Osmolarity	Osmolarità
PctDiff	Differenza in percentuale
Pn	Numero paziente
PrThr	Presenza o soglia
Prctl	Percentile
Prid	Presenza o Identità
PPres	*Pressione (parziale)
PPresDiff	Differenza di Pressione Parziale
PPresRto	Rapporto di Pressione Parziale
Pres	Pressione
PresRat	Indice di Pressione
PressDiff	Differenza di Pressione
PresRto	Rapporto di Pressione
Quintile	Quintile
Ratio	Rapporto
Range	Gamma
RatDiff	Differenza di Tasso
RelFldResist	Resistenza ai fluidi relativa
RelRto	Rapporto Relativo
RelSoundInt	Intensità del suono relativa
Resis	Resistenza
ArResis	Resistenza/Area
SatFr	*Frazione di Saturazione
Score	Punteggio
ScoreDiff	Differenza punteggio
ScoreRange	Differenza gamma
Seq	Sequenza nucleotidica
Shape	Forma
Susc	Suscettibilità
Temp	*Temperatura
TempDiff	Differenza temperatura
Tele	Numero telefonico
Tscore	TScore
TscoreDiff	Differenza TScore
Txt	Testo
Threshold	*Soglia
ThresNum	Numero di soglia
Titr	Fattore di Diluzione (Titolo)
Type	Tipo
URI	Uniform Resource Identifier
VCF	Variant Call File (formato file per l'identificazione delle varianti genomiche)
Vel	*Velocità
VelRat	Indice di Velocità
VelRto	*Rapporto di Velocità
Visc	Viscosità
Zscore	Punti zeta
*= dal IUPAC Silver Book (vedere nota 21)	

2.4 Tempo di misurazione (Punto o momento nel tempo vs. intervallo di tempo) (terza parte)

Si può misurare una proprietà o in un preciso momento (punto) nel tempo oppure durante un intervallo di tempo, e integrarla, in senso matematico, nel tempo. In quest'ultimo caso, aggregiamo una "serie" di stati fisiologici in un singolo valore scalare che rispecchia la proprietà "media" misurata durante l'intervallo di tempo specificato. Gli intervalli sono inoltre rilevanti per misurazioni indice come ad esempio escrezione

(indici di sostanza o di massa) o clearance (indici di volume). La quantità durante un intervallo spesso viene espressa come indice di massa (MRat, es., g/24h) o indice di sostanza (SRat, es., mol/24h). Misurazioni di intervallo si applicano spesso a urina e feci, (es., raccolta durante 24 ore e calcolo di concentrazione, quantità totale o clearance). Si applicano anche alle misure cliniche come produzione di urina in cui ci sono totali cambiati e totali per le 24h. Le conte di eventi su monitoraggi fisiologici, come ad es., il numero di contrazioni ventricolari premature (PVC) durante le 24h con monitoraggio Holter, sono di questo tipo, come sono i periodi di riferimento per gli strumenti di rilevamento

I valori permessi per un non-point Aspetto del Tempo sono definiti come una sintassi esattamente come quella per i tempi nei test di provocazione, per esempio:

<valore numerico><S|M|H|W>

Quello più comune è 24h. La Tabella 9 mette in evidenza ulteriori esempi. Il set completo di Aspetto del Tempo LOINC attivo è disponibile nel file di parti LOINC e può essere identificato perché contiene un PartTypeName di TIME.

Per la raccolta delle urine, la misura “standard” integrata è 24h, quasi sempre riportate come indici di massa (MRat), indici di sostanza (SRat) o indici catalitici (CRat). Questi potrebbero contrastare con esami delle urine effettuati in maniera random i quali vengono rappresentati come misure in un preciso punto del tempo (PT) nella nostra nomenclatura e vengono solitamente riportati come concentrazioni -- MCnc, CCnc o SCnc rispettivamente per concentrazione di massa, catalitica e di sostanza. Tuttavia, possiamo anche riportare la concentrazione media per un campione di 24 ore – in questo caso il valore dell’ Aspetto del Tempo sarebbe 24h, ma la proprietà sarebbe MCnc/SCnc/CCnc invece di MRat/SRat/CRat.

La denominazione ‘raccolta di 24h’ viene mantenuta per esami che solitamente hanno range di riferimento basati sulla quantità di sostanza di un component liberata o rilasciata in 24 ore. Tuttavia, un dato campione potrebbe avere un tempo di raccolta di 23 ore e sarebbe comunque chiamato studio di 24h. A seconda delle politiche e delle procedure del laboratorio, potrebbero estrapolare il valore riportato a quel che sarebbe stato se la raccolta fosse continuata per tutte le 24 ore e riportarlo come moli per giorno.

Sono permesse anche specificazioni indirette di una finestra temporale. Stdy identifica la durata dello studio (senza specificare un tempo esatto); Enctr identifica l’Incontro (Visita di pronto soccorso, degenza ospedaliera, ecc.).

I volumi del campione per misurazioni temporali sono riportati in altri campi o come risultati separati di “test” in altri segmenti OBX.

Tabella 9: Esempi di Categorie di Durata					
Abbreviazione	Descrizioni di Durata				
Pt	Per identificare misurazioni in un specifico punto nel tempo. Questo è un sinonimo per “spot” o “random” come applicato per le misurazioni effettuate su campioni di urina.				
Stdy	Durata dello studio				
Enctr	Durata di un incontro (degenza ospedaliera, visita)				
Episode	Episodio				
Gt 1H	Più di un’ora				
Ge 1Hr	Più di o equivalente ad un’ora				
Lt 1H	Meno di un’ora.				
Procedure dur	Durata della procedura (intervento chirurgico, ecc.)				
RptPeriod	Periodo di riferimento				
XXX	Non specificato; il tempo sarà riportato in un’altra parte del messaggio elettronico				
*(star)	Vita dell’unità”. Utilizzato per prodotti del sangue.				
Abbreviazione	Descrizione	Abbreviazione	Descrizione	Abbreviazione	Descrizione
1M	1Minuto	9H	9h	100D	100 giorni
5M	5Minuti	10H	10h	180D	180 giorni
10M	10Minuti	12H	12h	1W	1 sett
15M	15Minuti	18H	18h	2W	2 sett
20M	20Minuti	24H	24h	3W	3 sett
30M	30Minuti	48H	48h	4W	4 sett

45M	45Minuti	72H	72h	1M	1 mese
90M	90Minuti	1D	1die	2M	2 mesi
1H	1h	2D	2die	3M	3 mesi
2H	2h	3D	3die	6M	6 mesi
2,5H	2,5h	4D	4die	12M	12 mesi
3H	3h	5D	5die	1Y	1 anno
4H	4h	6D	6die	2Y	2 anni
5H	5h	7D	7die	3Y	3 anni
6H	6h	14D	14die	10Y	10 anni
7H	7h	30D	30die	Tutta la vita	Tutta la vita
8h	8h	90D	90die		

2.4.1 Modificatore dell'Aspetto del Tempo

La seconda e facoltativa sottoparte dell'elemento tempo permette una indicazione di alcune sotto-selezioni o integrazioni delle misure effettuate durante il periodo di tempo definito: 8h^max frequenza cardiaca sarebbe la frequenza cardiaca più alta osservata in 8h (Turno). Min, max, primo, ultimo, media, sono gli altri possibili valori per questa sottoparte. Quando non viene registrato nulla in questa sottoparte, assumiamo un valore medio per il periodo di tempo in questione. Valori validi per questa sottoparte sono elencati nella tabella sotto.

Tabella 10: Codici Modificatori del Aspetto del Tempo	
Tempo	Descrizione
Min	Valore minimo durante un intervallo
Max	Valore massimo durante un intervallo
Frst	Primo valore osservato durante un intervallo
Last	Ultimo valore osservato durante un intervallo
Mean	Media di tutti i valori osservati durante l'intervallo (Questa è la selezione di default.)

2.5 Tipo di System (Campione) (quarta parte)

Il tipo di System (campione) è la quarta parte del nome di test pienamente specificato. Consiste di due sottoparti: la prima parte denomina il System e la seconda parte facoltativa, delimitata con "^", indica la il super-system da cui proviene il campione se non si tratta del paziente, es. feto, unità di prodotto sangue, donatore, ecc.

Definiamo test differenti per la combinazione di Component (analita) e type of System (campione) che sono comunemente riportati. In pratica, i laboratori includono un range relativamente piccolo di tipi di campione nei loro nomi per i test. I test chimici normalmente distinguono siero, urina, sangue e liquido cerebrospinale. Colture microbiologiche tendono a distinguere fra un numero più grande di fonti.

Esempi del campo System sono riportati in Tabella 11. Il set completo di sistemi LOINC attivi è disponibile nel file di parti LOINC e può essere identificato perché contiene un PartTypeName di SYSTEM.

Per molti test chimici abbiamo incluso nel database LOINC un nome di test per l'identificazione di vari tipi di liquido corporeo (Body fld), per offrire un modo di distinguere test che vengono effettuati su tipi di fluido non esplicitamente rappresentati nel database. Usiamo "XXX" nel System per identificare un materiale non specificato – ad esempio, potrebbe essere solido o liquido. "XXX" è anche utilizzato nel System quando viene specificato il materiale, ma registrato altrove nel messaggio HL7/ASTM. Tuttavia, usando "XXX" come System può essere problematico (vedere anche la sezione 2.5.1 - "Problemi particolari relativi a XXX come System" di seguito).

Quando dovremmo raggruppare una varietà di tipi di campione sotto il non specifico "Body fld" (Liquido corporeo) e quando dovremmo dare ad un materiale corporeo un nome univoco per un dato component? La decisione dipende dalla misura in cui i laboratori hanno riportato la coppia Component-System come "risultato" separato e dalla misura in cui i range normali per un dato Component-System sono stati

standardizzati. Secondo questa regola, noi definiremo sempre test diversi per siero e per urina, quando un component può essere misurato in entrambi. Definiamo il test per sodio nel sudore come test distinto perché è un test standardizzato che viene utilizzato per la diagnosi della fibrosi cistica. Non abbiamo definito il sodio del liquido duodenale come codice LOINC separato perché questa misura non è stata standardizzata. Questo non significa che le specifiche circa il System verrebbero ignorate. Significa semplicemente che queste informazioni andrebbero conservate in un altro campo del messaggio (il campo del campione nel segmento HL7 OBR) e non nel nome. Generalmente, noi specificheremo il tipo di System per distinguere almeno fra sangue, urina, liquido cerebrospinale, liquido pleurico, liquido sinoviale e liquido peritoneale.

Per molti tipi di test, la distinzione fra plasma e siero non è rilevante. Quando c'è equivalenza clinica nell'effettuare un test su siero o plasma, il System andrebbe registrato come Siero/Plasma. Si noti che l'uso di un codice LOINC con Siero/Plasma come system per riportare il risultato del test di un produttore specifico non implica che il test fornito sia approvato per l'uso con entrambi i campioni di siero e plasma; significa semplicemente che i risultati ottenuti dal test del siero e del plasma sono clinicamente equivalenti, indipendentemente da quale test sia stato utilizzato. Talvolta il test può essere effettuato solamente o su plasma o su siero; il component sarà allora associato con o Siero o Plasma in una osservazione. Se si può effettuare il test su l'uno o l'altro ma i risultati sono diversi e standardizzati (una circostanza molto rara), saranno definiti due test separati nel nostro file, uno con System Plasma e uno con System Siero. L'attuale database LOINC include alcuni test Siero e alcuni test Plasma che dovrebbero in effetti essere Siero/Plasma. Laddove determiniamo che un test Siero oppure un test Plasma avrebbe dovuto essere designato come Siero/Plasma, cambieremo la designazione.

Come per Siero e Plasma, quando i test su vari campioni sono clinicamente equivalenti e il sistema per i test esistenti include solo uno o alcuni di questi system, esamineremo tali test su richiesta e li aggiorneremo in modo appropriato per includere l'ulteriore system. Un esempio è il test tossicologico, in cui almeno un sottoinsieme di test (ad esempio, di conferma) può essere eseguito su strumenti che accettano sia Ser, Plas o Bld come campione, quindi possiamo aggiornare i termini Siero/Plasma o Sangue esistenti per avere System Siero/Plasma/Sangue, a seconda dei casi.

Se il test viene effettuato su una combinazione di tipi di campioni (come ad es. un rapporto di sostanza trovata in LCS e plasma) i tipi vengono uniti con un "+": Plasma+LCS, Isolato+Siero, ecc..

Dettagli riguardanti la fonte esatta ed il metodo di raccolta (es. sangue prelevato dal braccio destro e conservato in ghiaccio) non sono parte del nome del test e vengono riportati in altre parti del messaggio. Ad esempio, il segmento SPM di un messaggio HL7 può essere usato per trasmettere informazioni dettagliate sul tipo di campione, dove e come è stato raccolto, chi lo ha raccolto, e alcune caratteristiche di base del campione. Le versioni precedenti di HL7 usavano OBR-17 come campo per segnalare la fonte del campione.

Tabella 11: Esempi di Tipo di System/Campione di Laboratorio

Abbreviazione	Nome	Abbreviazione	Nome	Abbreviazione	Nome
Ascesso	Ascesso	Gas esalato	Gas esalato	Saliva	Saliva
Liquido amniotico	Liquido amniotico	Fibroblasti	Fibroblasti	Liquido seminale	Liquido seminale
Anale	Ano	Fistola	Fistola	Siero	Siero
Aspirato	Aspirato	Alimenti	Alimenti	Pelle	Pelle
Liquido biliare	Liquido biliare	Gas	Gas	Espettorato	Espettorato
Sangue art	Sangue arterioso	Succo gastrico	Succo gastrico	Espettorato tracheale aspirato	Espettorato tracheale aspirato
Sacca di sangue	Sacca di sangue	Genitale	Genitale	Feci	Feci = Fecale
Sangue capill	Sangue capillare	Liquido genitale	Liquido genitale	Sudore	Sudore
Sangue cordone ombelicale	Sangue di cordone ombelicale	Lochi genitali	Lochi genitali	Liquido sinoviale	Liquido sinoviale
Sangue ven mis	Sangue venoso misto	Muco genitale	Muco genitale	Lacrime	Lacrime
Sangue perif	Sangue periferico	Pelo	Pelo	Gola	Gola
Sangue ven	Sangue venoso	Gas inalato	Gas inalato	Piastrine	Trombocita /Piastrina
Sangue.su carta da filtro	Spot sangue secco	Isolato	Isolato	Tessuto	Tessuto, non specificato

Liquido corporeo	Liquido corporeo non specificato	Isolato meningite	Isolato da paziente con meningite	Tessuto intestino crasso	Tessuto intestino crasso
Osso	Osso	WBC	Leucociti	Tessuto di intestino tenue	Tessuto di intestino tenue
Cervello	Cervello	Linea intravenosa	Linea intravenosa	Trachea	Trachea
Bronchiale	Bronchiale	Fegato	Fegato	Tubo	Tubo
Ustione	Ustione	Respiratorio inferiore	Tratto respiratorio inferiore	Ulcera	Ulcera
Calcolo	Calcolo	Tessuto polmonare	Tessuto polmonare	Uretra	Uretra
Cannula	Cannula	Mid oss	Midollo osseo	Urina	Urina
Punta del catetere	Punta del catetere	Meconium	Meconio	Urina, sedimento	Sedimento urinario
LCS	Liquido cerebrospinale	Latte	Latte	Sostanza sconosciuta	Sostanza sconosciuta
Muco cervicale	Muco cervicale	Unghia	Unghia	Vaginale	Vaginale
Cervice uterina	Cervice uterina	Naso	Naso (cavità nasale)	Umore vitreo	Umore vitreo
Colostro	Colostro	Rinofaringe	Rinofaringe	Vomito	Vomito
Congiuntivale	Campione congiuntivale	Vasi del pene	Vasi del pene	Sangue	Sangue intero
Cornea	Cornea	Pene	Pene	Acqua	Acqua
Dentina	Dentina	Liquido pericardico	Liquido pericardico	Ferita	Ferita
Dialisato	Liquido di dialisi	Liquido peritoneale	Liquido peritoneale	XXX	Vedere sezione 2.5.1.
Dose	Dose	Liquido di dialisi peritoneale	Liquido di dialisi peritoneale		
Drenaggio	Drenaggio	Placenta	Placenta		
Succo duodenale	Succo duodenale	Plasma	Plasma		
Orecchio	Orecchio	Liquido pleurico	Liquido pleurico		
Endomet	Endometrio	PPP	Plasma povero di piastrine		
Campione ambientale	Campione ambientale	PRP	Plasma ricco di piastrine		
RBC	Globuli rossi (Eritrociti)	Pus	Pus		
Occhio	Occhio	RBCCo	Globuli rossi di cordone ombelicale		

Queste abbreviazioni sono utilizzate nei codici LOINC di laboratorio. I campioni (*Systems*) dei termini clinici LOINC sono scritti per intero e dovrebbero essere facilmente comprensibili.

2.5.1 Questioni particolari relativi a XXX come System

Sempre più spesso riceviamo richieste, in particolare dal contesto della sanità pubblica, per test con campione XXX. XXX è un valido campione LOINC, ed è spesso necessario in molti casi. Tuttavia, solitamente LOINC ha bisogno di un termine con un campione più specifico invece di, o in aggiunta a XXX. Si ricorda che XXX può essere utilizzato per rappresentare qualsiasi tipo di campione (insetti, animali uccisi sulla strada, e alimenti ingeriti) quando il materiale è sconosciuto o specificato altrove nel messaggio HL7/ASTM. LOINC ha già alcuni termini generali per il campione, ma che sono più limitati nel significato di XXX. Ad esempio, abbiamo Sangue/tess e Liquido corporeo, che rappresentano il fluido da tutte le cavità sierose, (sebbene anche questo meriterebbe discussione). Siamo in grado di creare altri termini generali per campione se necessario.

L'uso di XXX per il campione può creare problemi. In primo luogo, il riferimento varia per le misurazioni su una scala continua con differenze di campioni, e la maggior parte dei sistemi dipende dal codice di esame per raggiungere i valori di riferimento. Naturalmente il tipo di campione XXX è più comunemente richiesto per i test microbiologici utilizzati per identificare i microrganismi da coltura, DNA/RNA o antigeni specifici. In questo caso la natura del campione potrebbe non cambiare l'implicazione clinica per alcuni organismi. Secondo noi, l'antrace trovato in qualsiasi parte del corpo ha la stessa implicazione. Fa comunque una grande differenza per alcuni organismi che sono abitanti naturali della pelle o dell'apparato digerente, ma non del sangue.

Inoltre, se non vi è alcun accenno del campione nel nome del test, sarà più difficile per i medici ordinare comuni test microbiologici. Non saranno in grado di ordinare un'urinocoltura e un'emocoltura con un solo click, e la gestione di questi ordini sarà più difficile per i laboratori. Questo è particolarmente vero dato lo stato attuale di molti messaggi HL7 che solo raramente utilizzano codici nel campo campione. (Certo, c'è speranza per il futuro). In più, e cosa più importante, c'è la questione dell'uso approvato. I foglietti illustrativi sono molto specifici e limitativi riguardo i campioni per i quali è approvato il kit di analisi. Abbiamo avuto una recente richiesta di un test con campione di XXX il cui foglietto illustrativo consentiva l'uso solo su Saliva. Cosa fare? I laboratori di riferimento tendono a definire test per classi di campioni approvati per l'uso sugli strumenti/kit di analisi che usano loro. Abbiamo ricevuto richieste di termini con XXX ma il test è in realtà utilizzato solo per i campioni provenienti da parti del corpo che possono "prendere" malattie a trasmissione sessuale (MST).

Quindi, la conclusione di tutto questo è che non accettiamo richieste di test con campioni XXX senza una descrizione del campione più comune e qualche idea della gamma di campioni per cui viene utilizzato. Probabilmente si deciderà o per l'aggiunta di un codice distinto per il campione prevalentemente comune (ad esempio Feci per ameba histolytica) o il campione prescritto dal foglietto illustrativo, oppure prendere in considerazione un nuovo codice campione più ampio rispetto a quelli ora disponibili, ma più limitato dell'XXX per far fronte ad una particolare esigenza, ad esempio, fluido corporeo sterile, o Genitale/anale/gola (per campioni MST). Ciò, naturalmente, richiederà tempo e discussione.

2.5.2 Super System (seconda sottoparte)

La seconda sottoparte del System identifica un "super-system" quando non si tratta del paziente, es. una unità di prodotto sangue, un donatore di midollo osseo o un feto. Quando il super-system non viene incluso nel nome, si assume "paziente" come valore di default.

La seconda sottoparte del System identifica un "super-system" quando la fonte del campione è qualcuno o qualcosa di diverso dal paziente e il risultato deve essere distinto dai risultati del paziente perché verranno archiviati insieme nella cartella del paziente. Esempi di super-system includono un'unità prodotto sangue (BPU), un donatore di midollo osseo o un feto. Il super-system viene utilizzato anche quando la scoperta clinica (storia, fisica) riguarda una persona diversa dal paziente e deve essere distinta dalle scoperte del paziente, ad esempio una storia di malattie in un membro della famiglia registrata nella cartella del paziente. Quando il super-system non è incluso in un nome, "paziente" è il valore predefinito assunto.

Nota

Usiamo il termine "feto" in senso generale per includere embrione, placenta e prodotti della concezione.

Un esempio di una rappresentazione di uno studio di coagulazione che effettua sia misurazioni su paziente che un controllo potrebbe essere:

Coagulation reptilase induced:Time:Pt:PPP:Qn:Coag

Coagulazione indotta da reptilase:Tempo:Pt:PPP:Qn:Coag

Coagulation reptilase induced:Time:Pt:PPP^control:Qn:Coag

Coagulazione indotta da reptilase:Tempo:Pt:PPP^controllo:Qn:Coag

Le banche del sangue spesso riportano gli antigeni dei globuli rossi per il paziente e per ogni sacca di prodotto sangue assegnata a quel paziente. Quindi, abbiamo:

A Ag:Pr:Pt:RBC:Ord

A Ag:ACnc:Pt:RBC:Ord

A Ag:Pr:Pt:RBC^BPU:Ord

A Ag:ACnc:Pt:RBC^Unità prodotto sangue:Ord

Nota: L'inclusione del super-system come parte del System rappresenta un cambiamento rispetto alle versioni di LOINC precedenti al rilascio 1.0K, maggio 1998. Le versioni precedenti includevano questa informazione nella quarta sottoparte (non più considerata) del component.

2.6 Tipo di Scale (quinta parte)

La quinta parte del nome del test specifica la scala (*Scale*) della misurazione ed è una parte obbligatoria. L'abbreviazione per il tipo di Scala (precedentemente denominato precisione), data in Tabella 12, dovrebbe essere usata nel nome pienamente specificato. Si noti che con il rilascio della versione 1.0K, maggio 1998, abbiamo cambiato i codici da SQ a ORD e da QL a NOM per poter identificare il significato in una maniera più accurata.

Tabella 12: Tipo di Scala		
Tipo di Scala	Abbreviazione	Descrizione
Quantitativo	Qn	Il risultato del test è un valore numerico relativo ad una scala numerica continua. Riportato come un numero intero o un rapporto o un numero reale o un range. Il valore del risultato del test può, in modo facoltativo, contenere un operatore relazionale dall'insieme {<=, <, >, >=}. Valori validi per un test quantitativo hanno la forma "7", "-7", "7.4", "-7.4", "7.8912", "0.125", "<10", "<10.15", ">12000", "1-10", "1:256".
Ordinale	Ord	Risultati ordinati per categoria, es. 1+, 2+, 3+; positivo, negativo; reattivo, indeterminato, non reattivo. (Precedentemente denominato SQ)
Quantitativo o Ordinale	OrdQn	Il test può essere riportato come Ord o Qn, es. una suscettibilità antimicrobica che può essere riportata come resistente, intermedia, suscettibile o come il diametro in mm della zona di inibizione. (Precedentemente denominato SQN). Sconsigliamo l'uso di OrdQn in altre circostanze.
Nominale	Nom	Risposte nominali o di categoria che non hanno un ordine naturale (es. nomi di batteri, riportati come risposte, categorie di aspetto che non hanno un ordine naturale, come ad es. giallo, chiaro, tracce di sangue. (Precedentemente denominato QL).
Narrativo	Nar	Testo narrativo, come ad es. la descrizione di una parte microscopica di un intervento chirurgico su papula.
"Multi"	Multi	Molti risultati separati strutturati come testo singolo "glob" e riportati come singola osservazione, con o senza l'inclusione di formato di visualizzazione.
Documento	Doc	Un documento che potrebbe avere diversi formati (XML, narrativo, ecc.)
Set	Set	Utilizzato per allegati clinici.

2.6.1 Quantitativo (Qn)

Identifica *Scale* che possono essere legate ad una qualche quantità fisica tramite una equazione lineare. Questo significa che se abbiamo due referti per la stessa quantità, uno con un valore di 5 e l'altro con un valore di 10, sappiamo che i due sono in relazione per la quantità tramite l'equazione lineare $Y = aX + b$. Quando il segmento intercetto, b , è non-zero, abbiamo una scala di differenza. (La temperatura Fahrenheit è una scala di differenza). Quando è zero, abbiamo una scala di rapporto (La temperatura Kelvin è una scala di rapporto).^{22,23} Un valore Qn può essere riportato come un valore per una scala "continua" come nel caso di sodio sierico o può essere riportato da una serie di valori discreti, come nel caso di titoli, es. 1:16, 1:32.

2.6.2 Ordinale (Ord)

Alcune osservazioni hanno valori che sono ben ordinati, es. "presente, assente", "1+, 2+, 3+" o "negativo, intermedio, positivo", ma tali valori non hanno nessun rapporto lineare tra di loro. Non sappiamo se positivo è due o tre volte intermedio, ma soltanto che positivo è più di intermedio. Questi tipi di osservazioni hanno una scala ordinale (Ord). I test con risposte "sì/no" sono sempre ordinali (Ord). I test riportati come negativo quando risultano al di sotto della soglia di rilevamento, ma altrimenti come valori quantificati, dovrebbero essere considerati come quantitativi (Qn).

2.6.3 Quantitativo/Ordinale (OrdQn)

Raramente, un risultato può essere riportato in una scala ordinale oppure in una quantitativa. L'esempio principale di tale scala è un MIC, che può essere riportato come resistente/intermedio/suscettibile oppure tramite il valore numerico MIC. La necessità di termini con scala OrdQn è stata ulteriormente avviata da una

²² Stevens SS. Measurement, statistics, and the schemapiric view. Like the faces of Janus, science looks two ways--toward schematics and empirics. Science 1968;161:849-856. [PubMed: 5667519].

²³ Tang YW, Procop GW, Persing DH. Molecular diagnostics of infectious diseases. Clin Chem 1997;11:2021-2038. [PubMed: 9365385].

precisazione di HL7 che dice che “POS” e “NEG” dovrebbero di consuetudine andare nel campo OBX-8. Pertanto, i codici LOINC con Scala Qn possono essere adeguatamente usati in questi casi anche se i “valori” risultanti sono interpretazioni codificate del reale valore numerico del risultato.

2.6.4 Nominale (Nom)

Alcune osservazioni assumono valori che non hanno alcun ordine relativo. Si pensi ai numeri sulle magliette di calcio. Essi semplicemente identificano i giocatori, non forniscono informazioni quantitative o relative alla classificazione dei giocatori. Facciamo riferimento ad esse come scala nominale (Nom). Un buon esempio viene fornito dai risultati dell'emocultura. Possibili valori sono Escherichia coli (o un codice per E. coli) o Staphylococcus aureus. Altri esempi sono rappresentati dalle diagnosi di ricovero e dalle diagnosi di dimissione ospedaliera. Qualunque test o misurazione che esamina in modo generico il paziente o il campione e riporta il nome di ciò che trova, ha scala Nom. Si assume che i valori di osservazioni di scala nominale siano stati presi da una lista predefinita di codici oppure da un vocabolario ristretto (es. un menu di scelte). Queste osservazioni saranno tipicamente inviate in un segmento OBX di un messaggio HL7 con un Coded Element (CE) data type (nelle prime versioni HL7) o le sue varianti sostitutive Coded with No Exceptions (CNE) e Coded With Exceptions (CWE) (ultime versioni HL7). È importante notare che i CE e CWE data types consentono di definire valori come codici con il loro testo visualizzato o semplicemente come il loro testo da solo. Questi data types e la scala Nom non dovrebbero essere utilizzati per le frasi di testo.

2.6.5 Narrativo (Nar)

Alcune osservazioni vengono riportate nella forma di testo narrativo libero. Il contenuto non proviene né da un vocabolario formale né da un sistema codificato. Una determinata malattia presente sarebbe un esempio di una scala narrativa (Nar). Molti dei codici clinici LOINC si presenteranno in due versioni: una per la versione nominale (codificata) e una per una versione narrativa (testo libero).

2.6.6 Multi

Consigliamo vivamente che tutte le refertazioni siano al livello più dettagliato possibile. Cioè, se sono riportati tre numeri, ciascuno di essi dovrebbe essere riportato con un codice univoco LOINC e trasmesso in un segmento HL7 OBX separato. A volte, i sistemi di refertazione non sono in grado di conformarsi a questa massima. Ad esempio, alcuni strumenti di cromatografia possono identificare prodotti chimici appartenenti all'intero spettro di prodotti chimici conosciuti (CAS identifica più di 10 milioni di prodotti chimici distinti) e noi potremo non avere codici specifici LOINC per riportare tutti questi dettagli. Abbiamo designato la scala Multi per identificare risultati che comprendono molti risultati strutturati separatamente come unica sezione di testo con o senza formato di visualizzazione incorporato. Alcuni laboratori riportano tutti i dettagli di molti test con misurazioni multiple sotto la forma di tali sezioni di testo uniche con nomi dei test che corrispondono al proprio nome di richiesta. Sconsigliamo vivamente tale tipo di refertazione. Va contro lo scopo dei codici individuali che mirano ad etichettare il contenuto.

Nota: Poiché i singoli component di un Set di richieste/Panel hanno spesso Scale diverse, la Scala per un termine che indica un Set di richieste può essere popolata da un trattino (-).

2.6.7 Documento (Doc)

La Scala di Doc rappresenta una raccolta di informazioni strutturate o non strutturate. I singoli codici LOINC sono assegnati a diverse raccolte di informazioni indipendentemente dal formato in cui sono presentati, il che significa che lo stesso codice LOINC dovrebbe essere utilizzato per rappresentare un determinato tipo di documento indipendentemente dal fatto che sia in formato PDF, documento di testo, JPG, XML, o HTML. La differenza tra Doc e Nar è che Nar rappresenta un singolo risultato di testo libero, mentre Doc viene utilizzato per raccolte di risultati riportati insieme, che possono includere risultati narrativi.

Nota: La "segnalazione narrativa", come richiesto dalle agenzie di regolamentazione, come l'Ufficio del Coordinatore Nazionale per la Tecnologia dell'Informazione Sanitaria negli Stati Uniti, può essere soddisfatta utilizzando i termini LOINC con Scala Doc e quindi non è solo legata alla Scala Nar LOINC.

2.7 Tipo di Metodo (Sesta parte)

Il metodo secondo il quale il test è realizzato costituisce la sesta parte del nome del test. È necessario esprimere il metodo come parte del nome soltanto quando esso serve a distinguere fra test che misurano lo stesso component ma che hanno una diversa rilevanza clinica o che hanno diversi range clinici di riferimento. Ad esempio, glucosio nel sangue intero testato con un test strip potrebbe essere distinto nel campo metodo.

La lista dei metodi riportata in Tabella 13 non è esaustiva. Il set completo di metodi LOINC attivi è disponibile nel file di parti LOINC e può essere identificato perché contiene un PartTypeName di METODO. Inoltre, molti metodi hanno descrizioni che possono essere trovate nella pagina dei dettagli per quella parte. Ad esempio, si veda la pagina dei dettagli per LP70657-9 RRR.

I laboratori non includono il metodo come parte del nome per la maggior parte dei più comuni test chimici e ematologici. Spesso hanno bisogno della libertà di scegliere lo strumento secondo l'ora del giorno, l'urgenza della richiesta del servizio, la disponibilità degli strumenti e così via, anche se gli strumenti possono impiegare metodi diversi. I laboratori poi regolano ciascuno degli strumenti "intercambiabili" per produrre risultati equivalenti anche se gli strumenti possono impiegare metodi diversi. Quindi, non vogliamo distinguere in modo troppo dettagliato in base ai metodi. Quando un termine LOINC non comprende un metodo, esso descrive solitamente un tipo o una classe di metodo e non fa distinzioni elaborate ad eccezione di casi speciali.

Anche se il metodo è raramente significativo in molti test chimici e ematologici, è spesso importante nei test immunochimici/sierologici, perché la sensibilità e la specificità di alcuni test variano molto a seconda del metodo. Per questo motivo, troverete di norma i metodi inclusi nei test di microbiologia e di coagulazione all'interno del database LOINC.

Questo non significa che le informazioni sul metodo sono irrilevanti, piuttosto che non sono sempre una parte significativa del nome del test. È un elemento essenziale per il controllo della qualità interna dei laboratori e ci sono campi per la segnalazione di altri dettagli sul metodo nei messaggi HL7 e CEN TC251 relativi ai risultati di test.

Tabella 13: Esempi di abbreviazioni nel campo Metodo

Metodo	Abbreviazione	Commento
Agglutinazione	Aggl	
Immunofluorescenza indiretta di tipo CBA	IFA CBA	I test di legame cellulare (CBA) vengono eseguiti utilizzando cellule progettate per esprimere solo l'antigene di interesse, il che aumenta la loro specificità rispetto ai test di immunofluorescenza tradizionali.
Test di coagulazione	Coag	Per distinguere le prove di coagulazione basate su metodi di coagulazione che testano la funzione/attività da metodi immunitari che indagano la presenza dei fattori di coagulazione e possono test funzionali o meno.
Citotossicità complemento-dipendente	CDC	
Fissazione del complemento	Fissazione complemento	
Colorazione citologica	Colorazione citologica	Il metodo di colorazione usato per pap test, aspirati con ago fine e altre colorazioni cellulari.
Sonda di DNA	Sonda	Vedi sezione 2.7.1 per ulteriori informazioni sulle sonde.
Dosaggio Cromogenico/Enzimatico	Cromo	Per distinguere i test di coagulazione basati su attività cromogenica (enzimatica)
Immunodosaggio enzimatico	EIA	Include tutti i test immunologici con alcune eccezioni, tra cui Immunoblot e Immunofluorescenza, che sono stati creati in base all'uso storico.
Dosaggio flocculante	Floc	
Inibizione dell'emoagglutinazione	HAI	
Emoagglutinazione	HA	Comprende diretta e indiretta
Immunoblot	IB	Si applica alle tecniche che includono la separazione elettroforetica o cromatografica cosicché la posizione (dimensione) della banda fa parte della valutazione.
Immunofluorescenza	IF	Comprende DFA, IFA, FA. Di solito si applica a cellule e strisci esaminati microscopicamente in modo che sia il "dove" che il "cosa" possano essere valutati, ma possano anche essere usati su fluidi in modo

		simile a ELISA. Non include i test di legame cellulare (vedere IFA CBA sopra).
Agglutinazione al lattice	LA	
Liberazione di istamina leucocitaria	LHR	
Line blot	Line blot	Una striscia di membrana prerivestita con un insieme specifico di antigeni in linee parallele che vengono incubati con anticorpi per rilevare i target di interesse.
Concentrazione minima inibitoria	MIC	Suscettibilità antibiotiche.
Concentrazione minima letale	MLC	Anche denominata MBC (concentrazione minima battericida)
Genetica Molecolare	Molgen	Classe generale di metodi usati per scoprire attributi genetici su base molecolare, inclusi RFL, PCR e altri metodi.
Neutralizzazione	Neut	
Dosaggio radioimmunologico	RIA	
Reazione rapida della reagina plasmatica	RPR	Test microscopico di flocculazione, usando antigene cardiolipina – lecitina – colesterolo con particelle di carbone.
Prova battericida del siero; Prova di Schlichter	SBT	Determina la diluizione di siero capace di uccidere microorganismi.
Vertical Auto Profile	VAP	Sviluppato da Atherotech, Inc.
Conta visiva	Conta visiva	
Test di laboratorio di ricerca sulle malattie veneree; test sierologico non specifico per la sifilide	VDRL	Test microscopico di flocculazione.

2.7.1 Metodi per identificare acidi nucleici

Distinguiamo i metodi che rilevano l'acido nucleico in base a due aspetti del test: se l'acido nucleico target viene o meno amplificato (copiato) e come viene rilevato. Stiamo ancora lavorando per determinare quali sono le distinzioni più importanti nella varietà dei metodi di rilevazione dell'acido nucleico utilizzati e possiamo aggiornare i nostri metodi per riflettere tali distinzioni in futuro. A partire dalla versione 2.63, tuttavia, utilizziamo i seguenti metodi:

Sonda senza amplificazione (Sonda)

Definizione: Una sonda di ibridazione è in genere un breve segmento di acido nucleico che si lega a una sequenza di acido nucleico complementare specifica per il target di interesse. La sonda è in genere collegata alla molecola di segnalazione in modo tale che un segnale sia generato solo quando la sonda si lega all'acido nucleico bersaglio. In LOINC, il metodo Sonda viene utilizzato per test che non includono né un'amplificazione dell'acido nucleico né una fase di potenziamento del segnale.

Sonda con amplificazione del target (Sonda.amp.tar)

Definizione: Il metodo Probe.amp.tar in LOINC viene utilizzato per test che includono una fase di amplificazione dell'acido nucleico, in cui vengono eseguite molte copie della sequenza o delle sequenze di acido nucleico di interesse, seguite dal rilevamento dell'acido nucleico target di interesse usando una sonda di ibridazione. L'amplificazione dell'acido nucleico può essere eseguita utilizzando diverse tecniche come la reazione a catena della polimerasi (PCR). La differenza principale tra i metodi Probe.amp.tar e Non-probe.amp.tar è la tecnica utilizzata per il rilevamento di acido nucleico target. Si noti che per motivi storici, questo metodo include anche tecniche più vecchie per identificare i prodotti di amplificazione del target PCR, come la separazione del gel e la colorazione per identificare i frammenti in base alle loro dimensioni previste.

Il metodo Probe.amp.tar è rappresentato come NAA+sonda nel nome breve e NAA con rilevamento della sonda nel nome comune lungo.

Sonda con amplificazione del segnale (Sonda.amp.sig)

Definizione: La sonda con amplificazione del segnale è un metodo che utilizza una sonda di ibridazione, che in genere è un acido nucleico a segmento corto che si lega a una sequenza complementare di acido nucleico specifica per il target di interesse, seguita da una fase di potenziamento del segnale, in cui il segnale che viene

generato quando la sonda si lega alla sequenza target viene moltiplicata in modo che sia "più luminosa" e più facile da rilevare. L'amplificazione del segnale può essere eseguita utilizzando diverse tecniche, incluso il metodo del DNA a catena ramificata (bDNA). In teoria, l'amplificazione del segnale è più sensibile di una sonda da sola perché genera un segnale più luminoso per ciascuna delle sequenze target presenti. In LOINC, il metodo Sonda.amp.sig è assegnato a codici per test che non includono una fase di amplificazione dell'acido nucleico.

Il metodo Sonda.amp.sig è rappresentato come Sonda + sig amp nello Short Name e Sonda con amplificazione del segnale nel Long Common Name.

Amplificazione del target seguita da rilevamento non basato su sonda (Non-sonda.amp.tar)

Definizione: il metodo LOINC Non-sonda.amp.tar viene utilizzato per test che includono una fase di amplificazione dell'acido nucleico, in cui vengono fatte diverse copie della/e sequenza/e dell'acido nucleico di interesse, seguita dal rilevamento dell'acido nucleico target di interesse usando un metodo diverso da una sonda di ibridazione, come l'analisi della curva di fusione o la misurazione della torbidità. La differenza principale tra i metodi Sonda.amp.tar e Non-sonda.amp.tar è la tecnica utilizzata per il rilevamento dell'acido nucleico target.

Il metodo Non-sonda.amp.tar è rappresentato come NAA + non-sonda nello Short Name e NAA con rilevamento senza sonda nel Long Common Name.

Informazioni storiche: nella versione 2.54 di LOINC, abbiamo aggiunto un nuovo metodo per l'amplificazione del target con l'analisi della curva di fusione (Melt.amp.tar) per distinguere i test che utilizzano curve di fusione anziché sonde per il rilevamento dell'analita. Per la versione 2.56, abbiamo sostituito Melt.amp.tar con un metodo basato su non-sonda più completo (Non-sonda.amp.tar) utilizzato per i test PCR con tecnologia di rilevamento non basata su sonda, inclusa l'analisi della curva di fusione, e che si distingue ancora dai test basati su sonda (Sonda.amp.tar). Il metodo per i termini originariamente creati con il metodo Melt.amp.tar è stato aggiornato a Non-sonda.amp.tar per la versione 2.56 e Melt.amp.tar non è più in uso.

Esempi di tecniche specifiche e metodi corrispondenti

Le tabelle seguenti descrivono tecniche specifiche che sono incluse in ciascuno dei quattro metodi sopra descritti.

Tabella 14a: Esempi di metodologie incluse nel metodo Sonda	
Sonda DNA	Un frammento di DNA marcato, di solito lungo 100-1000 basi, che può essere usato per rilevare la presenza di sequenze nucleotidiche complementari alla sequenza nella sonda.
Sonda RNA	Un frammento di RNA marcato, di solito lungo 100-1000 basi, che può essere usato per rilevare la presenza di sequenze nucleotidiche complementari alla sequenza nella sonda.

Tabella 14b: Esempi di metodologie incluse nel metodo Sonda.amp.tar	
Reazione a catena della polimerasi (PCR) con rilevamento target basato su sonda (ad es. PCR convenzionale, PCR in tempo reale)	Una tecnica che richiede ripetuti cicli di riscaldamento e raffreddamento per raddoppiare la sequenza di acido nucleico target con ogni ciclo. Nella PCR convenzionale, una volta completata l'amplificazione, il target viene rilevato utilizzando una sonda marcata; nella PCR in tempo reale, il target viene rilevato mediante sonde durante il processo di amplificazione.
PCR con rilevazione del target basata sulla separazione del gel e sulla colorazione dei prodotti PCR	PCR seguita da separazione e colorazione del gel per identificare i frammenti in base alle dimensioni previste. Questa vecchia tecnica per identificare i prodotti di amplificazione della PCR è inclusa in Sonda.amp.tar per ragioni storiche.
Amplificazione mediata dalla trascrizione (TMA)	Una tecnica isoterma che utilizza l'RNA polimerasi e gli enzimi della trascrittasi inversa per amplificare la sequenza di acido nucleico target.
Analisi basata su sequenze si acidi nucleici (NASBA)	Un metodo di amplificazione isoterma basato sulla trascrizione specificamente progettato per la rilevazione di RNA target.
Amplificazione di spostamento del filamento (SDA)	Una tecnica di amplificazione isoterma che si basa su una DNA polimerasi che sposta i filamenti.

Test di protezione dall'ibridazione (HPA)	Un test di rilevazione a base di chemiluminescenza che utilizza sonde di oligonucleotidi specifiche marcate con un enzima di estere di acridinio (AE) che emette un segnale chemiluminescente quando la sonda si lega all'RNA target.
---	---

Tabella 15c: Esempi di metodologie incluse nel metodo Sonda.amp.sig

Test di protezione dall'ibridazione (HPA)	Si veda la descrizione sopra.
DNA a catena ramificata (bDNA)	Coinvolge una serie di reazioni di ibridazione per il rilevamento di una sequenza di acido nucleico. Il bDNA è comunemente usato per la diagnosi e il monitoraggio delle infezioni virali e batteriche.
Cattura ibrida	Coinvolge l'ibridazione dell'acido nucleico e il rilevamento chemiluminescente della micropiastra. Una micropiastra è rivestita con anticorpi marcati che legano gli ibridi di acido nucleico, catturando le molecole ibride nella micropiastra.

Tabella 16d: Esempi di metodologie incluse nel metodo Non-sonda.amp.tar

Amplificazione del target (ad es. Mediante PCR convenzionale) con analisi della curva di fusione	Amplificazione di una sequenza mirata di acido nucleico usando una tecnica come la PCR convenzionale, seguita dal rilevamento del target mediante analisi della curva di fusione. I coloranti che legano il DNA, come SYBR Green I, vengono utilizzati per produrre un profilo della curva di fusione. Il profilo si basa sulla fluorescenza totale generata dal colorante legante il DNA mentre si lega alla fusione del DNA a doppio filamento al variare della temperatura.
Amplificazione isotermica mediata da loop (LAMP)	Una tecnica di amplificazione isotermica dell'acido nucleico che utilizza 4-6 primer che riconoscono 6-8 regioni distinte del DNA target. La sintesi è iniziata da una DNA polimerasi che sposta i filamenti e due dei primer formano strutture ad anello per facilitare i successivi cicli di amplificazione.

Nota: Le voci nella prima colonna della tabella sopra non sono destinate all'uso come metodi in termini LOINC.

2.7.2 Test immunologici

I test immunologici nel mondo LOINC includono un ampio ventaglio di test. Originariamente abbiamo accomunato questi test del sistema immunitario che rilevano il punto di contatto con gli antigeni e anticorpi attraverso dei meccanismi di segnalazione speciali, come ad esempio EIA, ELISA, chemiluminescenza e altri simili che producono una misura (quantitativa o qualitativa) dell'analita preso in considerazione. Ci siamo riferiti a questa tipologia di test come "EIA-like" e in assenza di un acronimo esistente per descrivere i loro costituenti, abbiamo preso in prestito quello "EIA" per far comprendere questo significato nello Short Name e usato Immunoassay nel Long Common Name per far notare che la tipologia di questo metodo non è stata limitata soltanto ai test EIA. Nella versione LOINC 2.56, per attenuare la confusione sul nome EIA, abbiamo sostituito il nome del metodo EIA con IA (e EIA.rapid con IA.rapid). Il Long Common Name continuerà ad utilizzare, come ha sempre fatto, Immunoassay, e lo Short Name continuerà ad usare IA invece che EIA.

Alcuni test immunologici hanno sempre avuto il loro metodo specifico e non sono mai stati accomunati in una categoria di test EIA-Immune appena descritti. I test di Immune Blot (IB), diffusione del sistema immunitario e test basati su citometria a flusso (FC) hanno sempre avuto nomi specifici riferiti al metodo. Essi sono differenti perché solitamente producono osservazioni multiple associate.

Anche i test sull'immunofluorescenza (IFA, DFA e ACIF) dispongono di un loro metodo personale, in particolare l'IF, poiché essi possono fornire informazioni relative alla presenza o alla quantità di un analita target e la sua posizione su uno striscio, porzione di tessuto o cellula (ciononostante tutti i test IF non forniscono tali informazioni sulla localizzazione). LOINC ha anche assegnato diversi tipi di metodo a qualche altro test immunologico, incluso VDRL, fissazione Latex e altri tipi di agglutinazione dal momento che questi erano i loro nomi originari e avevano funzioni e limiti appositi.

Abbiamo classificato perossidasi e tutte le altre colorazioni non-IF di tessuto del sistema immunitario sotto la categoria di colorazione del sistema immunitario.

2.7.3 Metodi di immunoblot e Line blot

LOINC ha due diversi metodi per Immunoblot (IB) e Line blot. IB viene utilizzato nella biologia cellulare e molecolare per identificare una specifica proteina in una miscela complessa estratta dalle cellule. L'elettroforesi su gel separa le catene polipeptidiche (subunità) in bande in base al loro peso molecolare. Le bande vengono trasferite su un bersaglio e visualizzano le subunità bersaglio. La Line blot è simile in quanto utilizza strisce di membrana che sono pre-rivestite con un set specifico di antigeni in linee parallele che vengono incubate con anticorpi per rilevare i target di interesse. Tuttavia, LOINC distingue i due metodi basati sulla separazione elettroforetica / cromatografica. In IB, la separazione avviene nel laboratorio di prova, mentre nella Line blot si verifica durante la fase di produzione e non nel laboratorio di prova.

2.7.4 Coagulazione

Facciamo distinzione fra tre tipi di metodo di coagulazione: quelli che misurano l'attività di coagulazione (Coag), quelli che misurano il fattore di coagulazione tramite l'indice enzimatico (Chromo o enzimatico), e quelli che misurano la quantità di proteina coagulante e non la sua attività. Il metodo che misura la quantità di proteine è stato chiamato Imm fino alla versione 2.58, ed in seguito ribattezzato IA per essere coerente tra le classi di laboratorio.

2.7.5 Colorazioni

Forniamo delle distinzioni molto dettagliate che riguardano le varie colorazioni di tessuto, con forma di denominazione piena. Metodi di colorazione che sono modifiche del metodo base sono denominati usando una sintassi <base><modifica>, per esempio:

Methenamine silver stain.Jones	Metenamina argento.Jones, colorazione
silver metenamina stain.Jones	Metenamina argento.Jones, colorazione

2.7.6 Substrati usati per la misurazione dell'attività enzimatica

Per i test che misurano l'attività enzimatica attraverso l'uso di vari substrati, il nome dell'enzima o gruppo enzimatico sarà il Component ed il substrato sarà il Metodo:

Mitochondrial respiratory chain enzymes: CCnt: Pt: Fibroblasts: Qn: 1-14C-glutamate substrate
Catena respiratoria mitocondriale, enzimi: CCnt: Pt: Fibroblasti: Qn: 1-14C-glutammato, substrato

2.7.7 Metodi "Limite di rivelabilità"

In casi specifici, tra cui il test della carica virale, la misurazione dell'albumina nelle urine e alcuni ormoni (ad es. Tireotropina), abbiamo codici LOINC in cui il valore del metodo è il limite di rilevamento per il test. Questi sono stati creati principalmente in base alle richieste del settore di differenziare i test che presentano una differenza di almeno un ordine di grandezza (10x) nelle soglie di rilevamento, poiché queste informazioni sul limite di rilevamento sono state ritenute più importanti dello specifico metodo di laboratorio utilizzato. Ad esempio, abbiamo codici per l'albumina urinaria con il metodo limite di rivelabilità ≤ 20 mg / L e il limite di rivelabilità ≤ 1 mg / L, e abbiamo anche termini di tireotropina con il metodo limite di rivelabilità $\leq 0,05$ mIU / L e limite di rivelabilità $\leq 0,005$ mIU / L. In alcuni casi, i valori limite di rilevamento non sono numeri tondi, ad esempio limite di rivelabilità ≤ 3.47 pmol / L. Questo valore apparentemente strano di 3,47 pmol / L è l'equivalente molare di 1,0 ng / dL.

Sulla base della discussione tenutasi durante la riunione del Comitato di Laboratorio LOINC di giugno 2018, i termini LOINC che specificano un limite di rivelabilità nel metodo non sono più raccomandati per l'uso, tranne in un numero selezionato di casi d'uso come la tireotropina e l'albumina urinaria. In generale, non creeremo nuovi termini con tali metodi perché il limite di rivelabilità non è in realtà un metodo ma piuttosto

una misura della sensibilità del test. Raccomandiamo invece di utilizzare un codice più generico, come un termine con Sonda.amp.tar come Metodo per una carica virale, e di segnalare il limite di rivelabilità separatamente usando il limite di rivelabilità del dispositivo di laboratorio LOINC 87706-8.

2.7.8 Metodo “Conferma” per test non tossicologici

In alcuni casi speciali, al di fuori della classe Tossicologia, abbiamo dei codici con il Metodo Conferma. In ciascuno di questi casi, il fatto che l'istanza specifica del risultato sia un risultato di conferma è ritenuto più importante del metodo di laboratorio specifico utilizzato per ottenere il risultato. Due di questi casi includono la tipizzazione del gruppo AB0 e Rh e il test dell'antigene di superficie del virus dell'epatite B in donne in gravidanza.

2.7.9 Questioni speciali con metodi per misurazioni cliniche

2.7.9.1 Valori stimati rispetto ai valori misurati

Per alcuni tipi di misure cliniche distinguiamo il metodo riportato da stimato e misurato. Ad esempio, il peso corporeo riportato è il peso dichiarato da un paziente o sostituto. Il peso corporeo stimato è stimato da un osservatore, mentre misurato sarebbe il peso corporeo misurato su una scala.

2.7.9.2 Ossimetria

L'uso dell'ossimetria come metodo può generare confusione. Per informazioni più dettagliate si veda la Scheda Tecnica di saturazione dell'ossigeno alla fine di questo manuale, ma in breve, l'ossimetria ha diverse tipologie specifiche, inclusa la pulsossimetria, la co-ossimetria e la EME-ossimetria. Sfortunatamente, un tempo il termine “ossimetria” veniva usato intercambiabilmente con “pulsossimetria” e ciò creava confusione nel sistema LOINC perché disponevamo di un metodo chiamato ossimetria e di un altro chiamato pulsoossimetria. Per fare in modo che non ci fosse ambiguità, nella versione 2.54 abbiamo dismesso molti dei termini con l'ossimetria come metodo e siamo andati avanti e continueremo a riconsiderare quelli rimanenti e crearne nuovi con il metodo della pulsoossimetria così come richiesto.

2.7.10 Studi di Imaging

Facciamo distinzione fra le principali modalità di imaging per la maggior parte delle misure derivanti da tali studi di imaging (es., outputs cardiaci da una scansione MUGA, angiografia, 2D Echo, Doppler, ecc.).

2.7.10.1 Metodi che includono la modalità Imaging e calcolo

In alcuni casi, il Metodo include due concetti: la modalità imaging e il metodo del calcolo per misurazioni specifiche. Con la versione 2.56 di LOINC abbiamo utilizzato il profilo <imaging modality>, <calculation>, ad esempio, US.2D.Teichholz. Questo format, tuttavia, non diversifica in modo chiaro tra i due concetti distinti che vengono rappresentati. Questo è ulteriormente complicato dalla nostra regola di usare il punto (.) per specificare la submodalità (es. 2D). Iniziando con LOINC 2.52 abbiamo pensato di separare i due concetti con un simbolo più (+) invece che un punto (.), cosicché US.2D.Teichholz diventasse US.2D+Calcolato attraverso il metodo Teichholz. Applicheremo questo format ai nuovi termini e aggiorneremo quelli esistenti nel tempo.

3 Casi Speciali

3.1 Risultati visti come variabili oppure come valori

Per alcuni test complessi ci sono due modi per organizzare i risultati in forma di referto.

3.1.1 Valore

Assumiamo un set “X” composto da cinque “risultati” che possono avere una scala di (presente/assente) o (0 1). Questi risultati potrebbero essere riportati come:

Risultato 1 = Presente - o - 1
 Risultato 2 = Assente - o - 0
 Risultato 3 = Presente - o - 1
 Risultato 4 = Assente - o - 0
 Risultato 5 = Assente - o - 0

Ciascun risultato è quindi considerato una variabile binaria. Questo viene a volte definito un approccio “panel”.

3.1.2 Approccio variabile (Scelta Multipla)

L’alternativa sarebbe riportare queste informazioni come variabile singola (o domanda a scelta multipla) con molti valori possibili:

Variable X – Cercaing 1, Cercaing 3

Variabile X – Risultato 1, Risultato 3

In questo caso, i risultati sono i valori di una variabile denominata Variabile X; soltanto i risultati positivi sono riportati come valori. Molti test di laboratorio, per es. quelli per antigeni HLA, antigeni di globuli rossi o screening per sostanze tossiche potrebbero, in teoria, essere presentati in entrambi i modi. La parte microscopica della conta differenziale e analisi delle urine potrebbe anche essere descritta in entrambi i modi. Anamnesi e osservazioni e (facendo un vero strappo alla regola) perfino risultati di coltura potrebbero essere strutturati in panel o in formato a scelta multipla/risposta multipla.

Un singolo laboratorio può riportare antigeni di globuli rossi in entrambi i modi, come panel binario o risultato a scelta multipla, a seconda dello scopo del test. La routine e il tipo sono riportati nel formato a scelta multipla (solo i positivi da un modesto set fisso di antigeni esaminati sono riportati). Però, se i test sono impiegati per dimostrare la paternità, i risultati sono solitamente riportati come un panel binario.

Le emocolture potrebbero in teoria essere considerate come panel:

Nome Test	Valore
Escherichia coli	assente
Staphylococcus aureus	presente
Diphtheroids	assente
Streptococcus pneumoniae	assente
Pseudomonas aeruginosa	presente

Anche se nella pratica tali test sono quasi sempre riportati nel formato scelta multipla/risposta multipla, come segue:

Nome Test	Valori
Emocoltura	P. aeruginosa, S. aureus

Solleviamo queste questioni per spiegare perché usiamo un formato dati diverso per alcuni tipi di test e perché a volte forniamo entrambi i metodi di refertazione (es. test per antigeni HLA globuli rossi) nel database

LOINC. Quando viene impiegata una scala binaria, la scala sarà ordinale (Ord) e il tipo di proprietà sarà di solito presenza (PrThr), per risultati basati sulla presenza/assenza di un analita indipendentemente dal fatto che venga utilizzato un valore di taglio interno per determinare il risultato ordinale. Quando viene usato l'approccio scelta-multipla risposta-multipla, la scala sarà nominale (Nom) e il tipo di proprietà sarà presenza o identificazione (Prid).

3.2 Banca del sangue

Gli antigeni dei globuli rossi saranno denominati secondo gli standard di denominazione della American Association of Blood Banking (AABB)²⁴. Oltre l'antigene o l'anticorpo, un modificatore sarebbe incluso nel super-system (il secondo sottocampo del campo System), per indicare se il test è stato eseguito su paziente, donatore o prodotto ematico. A meno che non venga dichiarato esplicitamente, si assume che il test sia stato eseguito su materiale raccolto da un paziente. Informazioni aggiuntive sulla persona identificata nella quarta sottoparte, come ad es. il nome del donatore o il rapporto/parentela col paziente, dovrebbero essere collocate in altri segmenti OBX o nei segmenti commento del messaggio e non come parte del nome del test.

I referti della banca del sangue mettono in evidenza il bisogno di un metodo di refertazione per panel e tramite un meccanismo a risposta multipla. Il database LOINC fornisce nomi dell'osservazione per entrambi i tipi di refertazione.

3.2.1 Refertazione dei dati sotto forma di panel

Ciascun antigene refertabile deve avere un proprio test, in modo che ogni elemento in un set di test binari possa essere riportato come (positivo, negativo) o (1, 0).

I nomi interamente specificati dei gruppi sanguigni A, AB, B e 0 (come osservazioni) sarebbero i seguenti:

Misura anticorpi sierici anti gruppo sanguigno A del donatore:

A Ab:Pr:Pt:Ser/Plas^donor:Ord A Ab:Pr:Pt:Siero/Plasma^donatore:Ord

Presenza antigene A nei globuli rossi del donatore:

A Ag:Pr:Pt:RBC^donor:Ord A Ag:Pr:Pt:RBC^donatore:Ord

Presenza antigene A nei globuli in una sacca di sangue data/trasfusa al paziente:

A Ag:Pr:Pt:RBC^BPU:Ord A Ag:Pr:Pt:RBC^BPU:Ord

3.2.2 Refertazione dei dati sotto forma di risposta multipla

Tutti gli anticorpi del sangue trovati (o non trovati) possono anche essere riportati in forma di risultato ad unico termine:

Antigens absent:Prid:Pt:BBL^BPU:Nom Antigeni assenti: Prid:Pt:BBL^BPU:Nom

Antibodies identified:Prid:Pt:Ser/Plas:Nom Anticorpi identificati:Prid:Pt:Siero/Plasma:Nom

Il database LOINC fornisce altre "osservazioni" per refertare: lo status di ciascuna sacca di sangue (es. posseduto, dato, scartato) e per refertare tale informazione quando richiesta da HIS e sistemi di documentazione medica; la quantità di ciascun tipo di prodotto sangue che è stato somministrato in un dato momento; il tipo di ciascuna sacca; eventuali reazioni avverse a tale sacca; e il numero della sacca per facilitare i laboratori che trasmettono queste informazioni come osservazioni discrete/separate.

Blood product disposition:Type:Pt:^BPU:Nom Prodotto sangue, disposizione:Tipo:Pt:^Unità prodotto sangue:Nom

Blood product type:Type:Pt:^BPU:Nom Prodotto sangue, tipo:Tipo:Pt:^ Unità prodotto sangue:Nom

²⁴ Walker RH. American Association of Blood Banks Technical Manual. 11th ed. Bethesda, MD: American Association of Blood Banks, 1993.

3.3 Studi sulla immunocompetenza (citometria a flusso)

I marcatori CD (Cluster of Differentiation) nel database LOINC includono tutti i singoli marcatori e le combinazioni più comunemente riportate, es. CD11C+CD20C+. La maggior parte di essi effettivamente misura il numero o la percentuale di cellule che porta il pattern specifico del marcatore T-cell, e in tal caso dovrebbero essere specificati come sottotipo di un linfocita, es. Cells.CDx. Ci sono altre possibilità e questi tipi di cellula possono anche essere denominate; ad esempio, Blasti.CD2 o Cellule sangue anormali .CD5. I componenti di LOINC per le cellule con un marcatore singolo non includono solitamente un segno “+” o “-” dopo il marcatore perché i test di citometria a flusso non riportano risultati del singolo marcatore-negativo CD, quindi quando il marcatore viene riportato, il segno “+” è sottinteso. In altre parole, il component LOINC Cells.CD4 indica la presenza di CD4, e non disponiamo del component Cells.CD4- perché questo risultato non è riportato. Tuttavia, quando vengono riportati i marcatori multipli per cellule, i segni “+” e “-” sono sempre inclusi, ad esempio Cells.CD3-CD8-CD57+.

Due tipi di misure sono di interesse, come descritto di seguito.

3.3.1 Numero di celle contenenti il marcatore

Il numero “assoluto” di tali cellule per millimetro cubo viene rappresentato come Number Concentrations (NCnc), ad esempio:

Cells.CD16C+CD56+:NCnc:Pt:Bld:Qn

Cellule.CD16C+CD56+:NCnc:Pt:Sangue:Qn

3.3.2 Percentuale di cellule contenenti il marcatore

La percentuale di cellule che contiene il marcatore citato per 100 cellule di quel tipo viene rappresentata come number fraction, ad esempio:

Cells.CD16C+CD56+/100 cells:NFr:Pt:Bld:Qn

Cellule.CD16C+CD56+/100 cellule:NFr:Pt:Sangue:Qn

3.3.3 Specifica della popolazione di cellule genitori

Storicamente, i test dei marker cellulari più comuni erano la misurazione dei marker su una popolazione di linfociti, come i conteggi di CD4 + e CD8 +, e il Divisore LOINC per i termini che rappresentano la frazione numerica è stato semplicemente specificato come 100 cellule, dove il fatto che le 100 cellule sono linfociti è comunemente condiviso. Negli ultimi anni, i marcatori cellulari sono diventati più comuni nella diagnosi e nel monitoraggio di una varietà di deficienze immunitarie e neoplasie ematologiche e, per questi test, la popolazione di cellule genitori potrebbe non essere necessariamente essere linfociti. Al fine di specificare completamente ciò che viene misurato, molti nuovi termini LOINC includono i marcatori di cellula che definiscono la popolazione madre nel Divisore. Quindi, ad esempio, il termine seguente viene utilizzato per indicare la percentuale di cellule che non esprimono CD4 o CD8 su una popolazione di cellule che esprimono alfa e beta CD3 e recettori delle cellule T (TCR) alfa e beta:

80699-2 CD4-CD8-/100 CD3+TCR alpha beta+ cells in Blood

80699-2 Cellule.CD4-CD8-/Cellule.CD3+TCR alpha beta+ nel Sangue

Tuttavia, in alcuni casi, la popolazione madre può variare a seconda del contesto clinico e/o del laboratorio, quindi abbiamo anche termini più recenti che hanno 100 cellule come Divisore. Per questi, si consiglia di segnalare la popolazione di cellule madri utilizzando un termine LOINC separato, 32760-1 Cellula tipo in campione non specificato.

3.4 Microbiologia

La struttura intrinsecamente complessa dei risultati di colture microbiologiche presenta delle sfide uniche per chi mira a creare dei nomi standardizzati per le osservazioni.

3.4.1 Colture microbiologiche

La complessità intrinseca nel riportare i risultati della coltura microbiologica presenta sfide uniche per ottenere nomi di osservazione standardizzati.

3.4.1.1 Status Risultato

Lo status risultato (Preliminare, Finale) non dovrebbe essere riportato né come osservazione separata né come parte del nome. Dovrebbe essere riportato nel campo Status Risultato (OBR-25) del segmento HL7 OBR.

3.4.1.2 Campione

Il Tipo Campione (Siero, Sangue, Urina, ecc.) sarà indicato nel segmento HL7 OBR con il campo Campione Originario (OBR-15), ma può anche essere rappresentato nel nome.

Dettagli di raccolta campione normalmente saranno annotati come segmenti OBX o segmenti di commento che accompagnano il messaggio di risultato della coltura. L'identificatore dell'osservazione per il segmento OBX avrà il *fully specified name* “ Specimen collection description:Cerca:Pt:*:Nom”/”DESCRIZIONE RACCOLTACAMPIONE:OSSERVAZIONE:Pt:*:NOM” e il campo Sub-ID dell'osservazione sarà utilizzato per ordinare o raggruppare set di osservazioni. Vale a dire, se il materiale fosse raccolto tamponando una ferita della parte superiore del braccio destro, sarebbero creati dei segmenti OBX multipli, ciascuno con il nome “Specimen collection description:Cerca:Pt:*:Nom”/”DESCRIZIONE RACCOLTA CAMPIONE:OSSERVAZIONE:Pt:*:NOM” e i campi Risultati dell'osservazione dei segmenti OBX conterebbero rispettivamente “tampone”, “destro”, “braccio” e “ferita”. (La granularità dei termini effettivamente usati nella descrizione del campione è a discrezione dell'utente. Quindi, “Ferita braccio destro” come valore di un singolo segmento OBX potrebbe essere usato al posto dei tre codici citati nella frase precedente.)

3.4.1.3 Risultati descrittivi

Descrizioni di misurazione e crescita culturale saranno annotate come segmenti OBX separati che accompagnano il messaggio di risultato della coltura. Il nome dell'identificatore dell'osservazione fornirà il contesto dell'osservazione. Ad esempio, il nome per un test quantitativo di batteri in un campione sarebbe:

Colony count:Num:Pt:XXX:Qn:VC

Colonia, conta:Num:Pt:XXX:Qn:conta visiva

Descrizioni di osservazioni con colorazione di Gram saranno annotate come segmenti OBX che accompagnano il messaggio di risultato della coltura. Il nome dell'identificatore dell'osservazione sarà:

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Gram stain

Osservazione microscopica:Prid:Pt:XXX:Nom:Gram, colorazione

I valori di risultato che potrebbero essere riportati con questo test (che è del tipo a scelta multipla, risposta multipla o osservazione) potrebbero includere uno o più di uno dei seguenti:

Cellule epiteliali

Cocchi Gram-positivi in catene

Molti diplococchi Gram negativi

3.4.1.4 Risultati coltura

Gli organismi identificati in una coltura saranno trasmessi come valori di risultato nei segmenti OBX. LOINC fornisce codici per identificare l'osservazione, ma non per identificare i nomi degli organismi che apparirebbero come valori di risultato (cioè in OBX-5). SNOMED CT è una fonte appropriata per questi concetti di organismi.

Mentre “Coltura Gola” è la fonte dell’inoculo della coltura, è anche l’etichetta che indica quale tipo di materiale è stato inoculato e le altre tecniche usate nel laboratorio. Quindi, è un’espressione sintetica per un tipo di metodo e sarà riportata come la parte *Metodo* del nome. Quindi, “Coltura Gola”, “Coltura Sangue” e “Coltura Clostridium difficile” rappresentano tutti delle etichette per il modo in cui una coltura è stata eseguita.

La denominazione LOINC per le colture di routine è:

Bacteria identified:Prid:Pt<specimen>:Nom:Culture

Batteri, identificato:Prid:Pt<campione>:Nom:Coltura

Esempi sono:

Bacteria identified:Prid:Pt:Bld:Nom:Culture

Batteri, identificato:Prid:Pt:Sangue:Nom:Coltura

Bacteria identified:Prid:Pt:Brn:Nom:Culture

Batteri, identificato:Prid:Pt:Ustione:Nom:Coltura

Bacteria identified:Prid:Pt:Stool:Nom:Culture

Batteri, identificato:Prid:Pt:Feci:Nom:Coltura

I nomi LOINC per le colture sono basati su delle osservazioni previste che essi generano, es. “batterio identificato” o “virus identificato”. Per la maggior parte delle colture di routine gli utenti cerchereanno il batterio. Tuttavia, in alcuni casi la coltura di routine potrebbe far crescere qualche fungo come i lieviti. Tali osservazioni possono inoltre essere riportate sotto lo stesso codice del test. Ma, dal momento che la coltura non sarebbe ottimizzata per la crescita di funghi, disponiamo di un nome basato sul batterio.

Vale la pena sottolineare il fatto che questi termini di coltura sono destinati a essere utilizzati sia come ordini che come osservazioni anziché possedere un nome più orientato al risultato. Inoltre, in linea con una buona pratica clinica, molti laboratori eseguono test sulla suscettibilità su qualsiasi caso separato attraverso una base riflessa. Perciò non c’è alcun bisogno di codici che dicano: “coltura e sensibilità” perché è implicito. Così, un ordine di 17928-3 “Batterio identificato nel sangue attraverso coltura Aerobe” innescerebbe diversi passaggi del flusso di lavoro, inclusa la coltura del sangue nella sacca, isolamento del batterio, identificazione e test della suscettibilità antimicrobico.

Nota: Al momento, si consiglia un unico codice per una coltura di routine o specifica dell'organismo per riportare i risultati della bottiglia di coltura, dell'isolamento batterico e dell'identificazione. Storicamente, tutte queste fasi sono state incluse nel flusso di lavoro di laboratorio sotto l'ombrello "cultura" e i risultati individuali per ciascuna fase non sono stati riportati o archiviati nella cartella clinica del paziente. I test di sensibilità sarebbero riportati con termini di sensibilità separati come descritto nella Sezione 3.5.

I nomi LOINC di metodi di colorazione diretta su campione/materiale (dove sono possibili molte osservazioni descrittive):

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Gram stain Osservazione microscopica:Prid:Pt:XXX:Nom:Gram, colorazione

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Dry mount Osservazione microscopica:Prid:Pt:XXX:Nom:Montaggio a secco

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:India ink preparation
Osservazione microscopica:Prid:Pt:XXX:Nom: Inchiostro indiano, preparazione

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Trichrome stain Osservazione microscopica:Prid:Pt:XXX:Nom:Colorazione tricromica

Microscopic observation:Prid:Pt:XXX:Nom:Giemsa stain Osservazione microscopica:Prid:Pt:XXX:Nom:Giemsa, colorazione

Nomi per risultati di procedure di colorazione eseguite su organismi che stanno crescendo in coltura useranno Isolato come tipo di System/campione. Per esempio:

Fungus identified:Prid:Pt:Isolate:Nom:Fungal subtyping Fungo, identificato:Prid:Pt:Isolato:Nom:Sottotipizzazione fungina

Nomi per colture organismo-specifiche:

Brucella sp identified:Prid:Pt:Bld:Nom:Organism specific culture
Brucella sp, identificato: :Prid:Pt:Sangue:Nom:Organismo, coltura specifica

Bordetella pertussis :ACnc:Pt:Thrt:Ord:Organism specific culture
 Bordetella pertussis, :ACnc:Pt:Gola:Ord: Organismo, coltura specifica

Chlamydia sp identified:Prid:Pt:Gen:Nom:Organism specific culture
 Chlamydia sp, identificato:Prid:Pt:Genitale:Nom: Organismo, coltura specifica

Legionella sp identified:Prid:Pt:Sputum:Nom:Organism specific culture
 Legionella sp, identificato:Prid:Pt:Espettorato:Nom: Organismo, coltura specifica

Si noti che se un test si applica ad una specifica specie di organismo, il *component* dovrebbe includere il genere E la specie (almeno). Se la misurazione si applica ad una serie di specie della stessa famiglia, la stringa “sp” deve essere inclusa. Se la misurazione si applica ad un sottogruppo del genere, allora quel sottogruppo va esplicitato.

Nomi per metodo per classe generale di organismo:

Fungus identified:Prid:Pt:Wound:Nom:Culture
 Fungo, identificato:Prid:Pt:Ferita:Nom:Coltura

Bacteria identified:Prid:Pt:CSF:Nom:Culture
 Batteri, identificato: Prid:Pt:LCS:Nom:Coltura

Di nuovo, il Valore del Risultato di questi test sarebbero o nomi di organismi o altre dichiarazioni di esito di una coltura. La Tabella riportata sotto evidenzia valori validi dei risultati di coltura dal segmento HL7 OBX:

Tabella 15: Esempi di risultati di coltura
Nessuna crescita
Cocchi Gram-positivi
Piccolo asta Gram negativo
<i>Escherichia coli</i>
Flora normale
<i>Candida albicans</i>

3.4.2 Proprietà per termini di coltura

Presence or Identity (Prid - Presenza o Identità) come proprietà dovrebbe essere usato quando il valore di un test può identificare un set di agenti infettivi alternativi. Se la coltura è per l'herpes virus e può avere risultati di herpes virus 1, herpes virus 2, ecc., Prid allora è la proprietà corretta. Se la coltura è per herpes virus e la risposta è positivo/negativo oppure sì/no, la proprietà dovrebbe allora essere presenza (PrThr) e la scala ordinale (Ord).

3.4.3 Identificazione di microrganismi basata su target di acido nucleico

I test basati sulla PCR per la presenza di microrganismi stanno diventando più comuni. All'inizio, abbiamo ricevuto richieste e creato codici con componenti come *Acinetobacter baumannii* DNA o RNA del virus dell'influenza. Più recentemente, abbiamo ricevuto richieste di test che rilevano batteri, virus e altri agenti patogeni basati su un target genetico specifico. Pertanto, LOINC ora contiene termini con componenti più specifici come i geni della tossina *Clostridium difficile* A + B (tcdA + tcdB) e il gene dell'involucro del virus Zika (E).

Man mano che i test genetici continuano a evolversi, distinguere l'analita specifico (ovvero il target genetico) sarà importante per comprendere le differenze tra i test, interpretare i risultati e guidare ulteriori test. Pertanto, continueremo a creare nuovi codici LOINC che specificano i target genici e chiederemo ai richiedenti di nuovi codici LOINC di fornire queste informazioni. Questa specificità è importante per l'identificazione batterica, ma anche per altri agenti patogeni.

3.5 Suscettibilità antimicrobiche

I test per suscettibilità ai farmaci sono raggruppati insieme nel database LOINC sotto la classe SUSC ANTIB. Varie agenzie, tra cui FDA e CLSI negli Stati Uniti e EUCAST in Europa, pubblicano linee guida per determinare la suscettibilità di diversi organismi a diversi antimicrobici.

In LOINC, i test di suscettibilità antimicrobica vengono denominati secondo il nome generico del farmaco esaminato e la metodologia adoperata, con *Proprietà suscettibilità* (Susc), e *Scala quantitativa* (Qn), *ordinale* (Ord) o (OrdQn). Quindi, nomi appropriati sarebbero:

Ampicillin:Susc:Pt:Isolate:OrdQn:MIC

Ampicillina:Susc:Pt:Isolato:OrdQn:MIC

Ampicillin:Susc:Pt:Isolate:OrdQn:Agar diffusion

Ampicillina:Susc:Pt:Isolato:OrdQn:Agar diffusione

Ticarcillin+Clavulanate:Susc:Pt:Isolate:Qn:MLC

Ticarcillina+Clavulanate:Susc:Pt:Isolato:Qn:MLC

La Tabella 16 elenca i metodi per test di suscettibilità ai farmaci.

Tabella 16: Metodi per test di suscettibilità ai farmaci	
Metodo	Descrizione
Agar diffusione	Sensibilità batterica attraverso agar diffusione (Kirby-Bauer)
MIC	Minima concentrazione inibitoria
MLC	Minima concentrazione letale
SBT	Titolazione battericida sierica
Gradient strip	Suscettibile a E-Test o metodo gradiente striscia

Esistono anche codici senza metodo per ciascun agente antimicrobico.

3.5.1 Soglie di suscettibilità basate sul tipo di infezione ("Breakpoint")

Nella maggior parte dei casi, le soglie di suscettibilità sono le stesse per un dato organismo + combinazione di antibiotici indipendentemente dal sito di infezione o dalla via di somministrazione degli antibiotici. Tuttavia, per alcune combinazioni di antibiotici + organismi, la soglia ("breakpoint") varia in base alla via di somministrazione e/o al tipo di infezione, tra cui meningite, polmonite e infezione del tratto urinario. Questi sono due parametri indipendenti: ci sono casi in cui un antibiotico può avere più soglie diverse a seconda della combinazione di percorso e tipo di infezione, e altri in cui un antibiotico avrà una singola soglia indipendentemente dalla via e dal tipo di infezione. Ad esempio, a seconda che il paziente abbia o meno una sospetta meningite ci sono due diverse soglie per la penicillina parenterale. Esiste, però, un'unica soglia per la vancomicina. Il test di sensibilità stesso viene eseguito esattamente allo stesso modo, indipendentemente dalla soglia. È solo per la fase finale dell'assegnazione di un risultato di suscettibilità che una soglia specifica diventa importante. Questi dati sono pubblicati dalle stesse agenzie (FDA, CLSI, EUCAST) che pubblicano le soglie comuni di suscettibilità.

Prima della versione 2.58 LOINC, abbiamo specificato che la soglia di suscettibilità era basata su una soglia della meningite nel Component ad esempio Cefepime.meningite. Tuttavia, il concetto identifica realmente un risultato di suscettibilità antimicrobica per un paziente con sospetta meningite piuttosto che un risultato di suscettibilità per una forma di meningite dell'antibiotico. Pertanto, a partire da LOINC 2.58, abbiamo spostato la "meningite" dal Component al System: Isolato.meningite. Nelle prossime versioni aggiungeremo anche i codici con i sistemi Isolato.polmonite e Isolato.UTI.

Si noti che l'Isolato.meningite (o ".polmonite", ".UTI") indica che il particolare risultato di suscettibilità riportato è per un antibiotico che ha un punto di rottura della meningite e che si sospetta che il paziente abbia la meningite. Ciò non significa necessariamente che un particolare paziente abbia la meningite. Per lo stesso paziente con sospetta meningite, il risultato per un antibiotico che non ha una soglia della meningite pubblicata verrà riportato usando un codice con Isolato come System.

3.5.2 Test di resistenza genotipica e suscettibilità prevista

Il test di resistenza genotipica viene eseguito per cercare geni o mutazioni geniche che conferiscono resistenza a un farmaco o a una classe di farmaci. La sottile differenza tra il test di sensibilità fenotipica e il test di resistenza genotipica è che il test di sensibilità viene utilizzato per determinare se la crescita di un determinato organismo è effettivamente inibita o meno in la presenza di un antimicrobico, mentre il test per meccanismi o geni di resistenza viene utilizzato per determinare se tali geni o mutazioni sono presenti e per prevedere se l'organismo sarà inibito in presenza di un particolare antimicrobico.

Sono disponibili vari metodi per testare le informazioni genetiche (ad es. Geni di resistenza specifici o alterazioni dei nucleotidi nei geni nativi) che codificano i meccanismi di resistenza, tra cui Sonda.amp.tar, Non-sonda.amp.tar e Sequenziamento. Fino al 2018, i termini dei test di suscettibilità genotipica batterica LOINC utilizzavano i metodi specifici sopra citati; tuttavia, come approvato dal Comitato di Laboratorio LOINC nel giugno 2018, andando avanti, raccomandiamo di utilizzare il metodo Molgen per tutti i test di resistenza molecolare batterica per ovviare alla necessità di creare termini diversi per diversi metodi molecolari (Sonda.amp.tar, Sequenziamento, ecc.). Verranno creati nuovi termini con il Metodo Molgen e i termini precedentemente creati con un Metodo diverso da Molgen verranno rivisti e aggiornati a Molgen se non duplicati o lo Stato verrà modificato in Discouraged.

Storicamente, i test di sensibilità erano sempre fenotipici; è stato sempre eseguito su un Isolato, che è un microrganismo proveniente da un campione di paziente che viene coltivato e isolato su terreni di coltura. Tuttavia, con nuove tecniche molecolari, i test genotipici possono essere eseguiti direttamente su campioni di pazienti senza la pre-fase di isolamento dell'organismo. Invece di creare termini separati per ogni possibile campione di paziente che può essere testato, il Comitato di Laboratorio LOINC ha approvato un approccio nel giugno 2018 per creare termini singoli per ciascun gene di resistenza o mutazione che conferisce resistenza con il System Isolato/Campione. Questi termini rappresenteranno test che possono essere eseguiti utilizzando una colonia isolata tradizionale o su un campione diretto. Questo approccio NON implica che il test genotipico di ogni produttore sia approvato per il test su un Isolato o qualsiasi tipo di campione.

I termini esistenti con Isolato o altri campioni specifici come System saranno rivisti e aggiornati allo stesso modello se non duplicati o lo Stato verrà modificato in Discouraged.

I termini LOINC che rappresentano la suscettibilità prevista di un organismo a un particolare antimicrobico basato sulla presenza o assenza di geni di resistenza o mutazioni che conferiscono resistenza nei geni nativi conterranno il nome o la classe del farmaco nel component, Isolato/Campione come system e Genotipizzazione come metodo. Questo modello è stato anche approvato dal Comitato di Laboratorio LOINC a giugno 2018.

3.6 Conte cellulari

Le conte quantitative per entità e cellule varie nel sangue, nell'urina, CSF e altri liquidi corporei possono essere eseguite e riportate in tre modi. Conte cellulari per sangue vengono spesso riportate come conte assolute per volume di unità (concentrazione di numero proprietà, NCnc), o percentuale di un tipo generale di cellula, es., percentuale eosinofili, (frazione numero proprietà, Nfr). Cellule ematiche di solito vengono riportate in tale modo, tramite un metodo di conta o manuale o automatico. Le conte per urina o altri liquidi corporei possono essere effettuate come conta diretta e riportate come NCnc o Nfr. Tuttavia, vengono più spesso riportate come il numero di entità o di cellule per campo o di altra potenza microscopica o di bassa potenza, es., 5-10 cellule per campo ad alta potenza. Questi sono effettivamente dei numeri per area (proprietà Naric). Ad esempio, il numero delle impronte per eritrociti per campo di bassa potenza verrebbe riportato come:

Erythrocyte casts:Naric:Pt:Urine sed:Qn:Microscopy.light.LPF

Cilindri eritrocitari:Naric:Pt:Urine sed:Qn:Microscopy.light.LPF

Si noti che anche se i valori vengono riportati come un range, la scala è sempre quantitativa (Qn), perché i valori possono sempre essere collegati tramite un rapporto. Usiamo HPF o LPF per identificare campi di alta

potenza e di bassa potenza rispettivamente. Entità grandi (come ad es., cilindri) vengono solitamente riportate per campi di bassa potenza e le entità piccole per campi di alta potenza.

Un altro modo in cui vengono riportate tali entità è come ordinale puro, es., nessuno, poco, moderato, carico. Essi verrebbero specificati come proprietà di concentrazione arbitraria (ACnc) con scala ordinale (Ord), ad esempio:

Erythrocytes:ACnc:Pt:Semen:Ord:Microscopy.light

Eritrociti:ACnc:Pt:Seme:Ord:Microscopia ottica

3.7 Esami della pelle

Essi seguono la forma di un test di provocazione. Per un esame della pelle per TB, sarebbe:

Tuberculosis reaction wheal^3D post 25 TU ID:Len:Pt:Skin:Qn

Tubercolosi reazione cutanea^3D dopo 25 TU ID:Len:Pt:pelle:Qn

in cui TU significa unità di tuberculina, ID significa intradermico, Len indica una misura di lunghezza (diametro del ponfo) e così via.

3.8 Tossicologia – Screening e conferma per sostanze di abuso

Si usano molti metodi di test in tossicologia:

Test di screening includono HPLC, EIA, TLC, RIA, GC, e GCMS (raramente).

Test di conferma sono GCMS, LCMS, GC, e HPLC.

Tabella 17: Metodi per sostanze da abuso	
Abbreviazione	Descrizione
HPLC	Cromatografia liquida ad alta pressione
TLC	Cromatografia a strato fine
GC	Cromatografia a gas
EIA	Immunoassay enzimatico
RIA	Immunoassay radio
GCMS	Cromatografia a gas/spettrometria di massa
LCMS	Cromatografia liquida/ spettrometria di massa

Molti laboratori usano GCMS (acronimo che in italiano sta per: gascromatografia-spettrometria di massa) per segnalare che il test è la conferma di un test precedente di screening, ma si usano anche degli altri metodi per la conferma, e un dato metodo può essere usato per screening oppure per confermare un test. Tuttavia, è importante che siano usati due metodi distinti per lo screening e per la conferma anche entrambi siano applicati con delle tecniche appropriate per il modo (screening o conferma). Quindi il LOINC Committee ha deciso che è meglio distinguere la procedura dello screening da quella della conferma con l'uso delle parole "screening" o "conferma" nella parte metodo del nome, piuttosto che con la denominazione di un metodo specifico. Quindi, LOINC distingue il metodo in tossicologia tramite Screening e Conferma e non tramite metodi particolari.

I test di tossicologia possono anche essere eseguiti su un gruppo di farmaci/sostanze o su farmaci singoli/metaboliti/sostanze. Svilupperemo dei nomi e codici LOINC per entrambe le categorie: gruppi di analite, es., "barbiturici", e analite individuali, es., "fenobarbitale".

Risultati di test di gruppo vengono solitamente riportati come ordinali (presente/assente) ma possono anche essere riportati come concentrazione di massa quando il numeratore è la massa totale delle sostanze individuabili nel gruppo. I test di gruppo al livello dello screening possono essere anche seguiti da una conferma a livello di gruppo o da conferme dei test per farmaco singolo/sostanza a livello di conferma. I singoli farmaci/sostanze possono essere riportati come presente/assente (Ord) o come concentrazioni (Qn) di massa (o sostanza).

Quando singoli farmaci/sostanze vengono riportati in modo ordinale, la soglia di refertazione (la soglia per la quale il livello del test viene considerato positivo) può essere riportata come “risultato” separato. Quindi, abbiamo codici separati LOINC per riportare la soglia di distinzione (cutoff) usata per la definizione di un valore positivo o negativo.

3.8.1 Gruppi di farmaci in Tossicologia

Principi generali: per ciascun “gruppo” di farmaci (amfetamine, benzodiazepine, oppiacei ecc) definiamo i seguenti tipi di osservazione LOINC:

3.8.1.1 Screen per un gruppo di farmaci/sostanze tossiche

Termini che rappresentano lo screening per l'intero gruppo:

“X”:PrThr:Pt:Ord:{System}:Screen
(Example answers: present/absent)

X”:PrThr:Pt:Ord:{System}:Screening
(Esempio Risposta = presente/assente)

Per esempio:

Amphetamines:PrThr:Pt:Urine:Ord:Screen
Answer= present

Anfetamine:PrThr:Pt:Urine:Ord:Screening
Risposta= “presente”

Termini per identificare il set di farmaci/sostanze sottoposto a screening dal test di gruppo. La risposta sarà una lista di nomi o codici discreti per farmaci/sostanze:

“X” tested for:Prid:Pt:{System}:Nom:Screen
(Answers = individual drugs that this screening test could detect, from a fixed list)

“X” testato per: Prid:Pt:{System}:Nom:Screening
(Risposte= farmaci singoli che potrebbero essere individuati tramite questo test di screening, da un elenco stabilito)

For example, Amphetamines tested for:Prid:Pt:Urine:Nom:Screen

Ad esempio, Anfetamina test effettuato per: Prid:Pt:Urine:Nom:Screening

Example answer = —amphetamine, methamphetamine, dextroamphetamine, levoamphetamine, pseudoephedrine”

Esempio risposta= --amfetamina, metamfetamina, destroamfetamina, levoamfetamina, pseudoefedrina

3.8.1.2 Identificare i farmaci/sostanze per i quali è stato effettuato lo screening (e forse anche altre informazioni). La risposta sarà nella forma di un “glob” di testo narrativo.

I termini di questo formato contengono risposte che sono riportate come "glob" di testo narrativo. Quando una schermata viene segnalata come negativa, il test di conferma non viene eseguito. Quando un test di screening viene segnalato come positivo, il risultato deve essere confermato da un metodo di test indipendente.

“X” tested for:Prid:Pt:{System}:Nar:Screen

“X” testato per: Prid:Pt:{System}:Nar:Screening

(Risposte= farmaci singoli che possono essere individuati da questo test di screening, come estratto di testo oppure come commento)

For example, Amphetamines tested for:Prid:Pt:Urine:Nar:Screen

Ad esempio, Testato per amfetamine :Prid:Pt:Urine:Nar:Screening

Esempio di risposta = “Lo screen EMIT urine per amphetamine individua amfetamina, metamfetamina, destroamfetamina, levoamfetamina come indicatori dell’abuso di metamfetamine. E’ anche reattivo con un component presente in inalanti decongestionanti nasali disponibili in commercio, e un risultato positivo deve essere confermato da un metodo quantitativo che elimina la situazione di non abuso”.

3.8.1.3 Testing di conferma per uno o più elementi nel gruppo rappresentato come osservazione singola.

“X”:PrThr:Pt:{System}:Ord:Confirm
(Answers = present/absent)

“X”:PrThr:Pt:{System}:Ord:Conferma
(Risposte = presente/assente)

For example, Amphetamines:ACnc:Pt:Urine:Ord:Confirm
Example answer: "present"

Ad esempio, Amfetamina: ACnc:Pt:Urine:Ord:Conferma
Esempio risposta: "Presente"

3.8.1.4 Lista dei farmaci/sostanze effettivamente confermati.

"X" positive:Prid:Pt:{System}:Nom:Confirm
(Answers = list of analytes detected)

"X" positivo: Prid:Pt:{System}:Nom:Conferma
(Risposte = elenco analite individuate)

For example, Amphetamines positive:Prid:Pt:Urine:Nom:Confirm
Example answer: "dextroamphetamine, methamphetamine"

Ad esempio, Amfetamina positivo: Prid:Pt:Urine:Nom:Conferma
Esempio risposta: "destro amfetamina,metamfetamina"

3.8.1.5 Test di conferma riportato come set di osservazioni (più comuni)

Più comunemente, il test di conferma viene riportato come un insieme di osservazioni, per riportare la presenza (o l'ammontare quantitativo individuato) di ciascuna analita nel gruppo.

"X":PrThr:Pt:{System}:Ord:Confirm
(Answers = present/absent)

"X" :PrThr:Pt:{System}:Ord:Conferma
(Risposte=presente/assente)

o

"X":MCnc:Pt:{System}:Qn:Confirm
(Answers = quantitative amount)

"X":MCnc:Pt:{System}:Qn:Conferma
(Risposte = ammontare quantitativo)

Per esempio:

Amphetamine:PrThr:Pt:Urine:Ord:Confirm

Amfetamina:PrThr:Pt:Urine:Ord:Conferma

Dextroamphetamine:PrThr:Pt:Urine:Ord:Confirm

Destroamfetamina:PrThr:Pt:Urine:Ord:Conferma

Methamphetamine:PrThr:Pt:Urine:Ord:Confirm

Metamfetamina:PrThr:Pt:Urine:Ord:Conferma

Levomethamphetamine:PrThr:Pt:Urine:Ord:Confirm

Levometafetamina:PrThr:Pt:Urine:Ord:Conferma

Esempio risposta: presente/assente

3.8.2 Soglie di discriminazione (Cutoffs)

I livelli di soglia per discriminazione (cutoffs) per una data sostanza o gruppo di sostanze saranno di solito diversi. Ci sono tre modi in LOINC per indicare specifiche soglie di discriminazione.

3.8.2.1 Forniamo termini separati LOINC per la refertazione di livelli di soglia di discriminazione di sostanze e gruppi di sostanze comunemente abusate.

"X" cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen

"X" cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screening

"X" cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm

"X" cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Conferma

For example, Amphetamines cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen
Example answer: "1000 ng/ml"

Ad esempio, Amfetamina cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screening
Esempio risposta: "1000 ng/ml"

For example, Methamphetamine cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm
Example answer: "500 ng/ml"

Ad es., Metamfetamina cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Conferma
Esempio risposta: "500 ng/ml"

3.8.2.2 Due termini per soglia di determinazione, uno per screen e uno per conferma, possono essere applicati a qualsiasi sostanza a prescindere dall'esistenza di un termine pre-coordinato.

“X” cutoff:MCnc:Pt:{System}:Qn:Screen

XXX cutoff:MCnc:Pt:SYS:Qn:Screening

“X” cutoff:MCnc:Pt:{System}:Qn:Confirm

XXX cutoff:MCnc:Pt:{System}:Qn:Conferma

3.8.2.3 Per soglie di discriminazione (cutoffs) comunemente in uso, come ad esempio quelle sotto mandato di agenzie regolatorie, abbiamo fornito dei termini pre-coordinati per la refertazione di un risultato “presente/assente” con la soglia di determinazione specificata nel campo Metodo:

“X”:PrThr:Pt:{System}:Ord:Screen>“N”

“X”:PrThr:Pt:{System}:Ord:Screening> “N”

“X”:PrThr:Pt:{System}:Ord:Confirm>“N”

“X”:PrThr:Pt:{System}:Ord:Conferma>“N”

Amphetamines:PrThr:Pt:Urine:Ord:Screen>1000 ng/mL
Example answer: “not detected”

Ad esempio, Amfetamina: PrThr:Pt:Urine:Ord:Screening>1000 ng/mL
Esempio risposta: “non individuato”

3.8.3 Refertazione del metodo usato per screen e conferma

Forniamo dei termini per la refertazione del metodo usato per i test per screening e conferma

“X” screen method:Prid:Pt:{System}:Nom:*

“X” metodo screening:Prid:Pt:{System}:Nom:*

“X” confirm method:Prid:Pt:{System}:Nom:*

“X” metodo conferma:Prid:Pt:{System}:Nom:*

Normalmente, essi sarebbero riportati in congiunzione con i termini che riportano livelli e possibilmente delle soglie di discriminazione, come nel esempio che segue:

Amphetamines:PrThr:Pt:Urine:Ord:Confirm
[Answer = positive]

Amfetamina:PrThr:Pt:Urine:Ord:Conferma
[Risposta = positivo]

Amphetamines cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen
[Answer = 1000 ng/ml]

Amfetamina cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screening
[Risposta = 1000 ng/ml]

Amphetamines screen Method:Prid:Pt:Urine:Nom:*\br/>[Answer = EIA]

Amfetamina metodo screening:Prid:Pt:Urine:Nom:*\br/>[Risposta = EIA]

Amphetamines positive:Prid:Pt:Urine:Nom:Confirm
[Answer = amphetamine, methamphetamine]

Amfetamina positivo:Prid:Pt:Urine:Nom:Conferma
[Risposta = amfetamina, metamfetamina]

Amphetamine cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm
[Answer = 500 ng/ml]

Amfetamina cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Conferma
[Risposta = 500 ng/ml]

Methamphetamine cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm
[Answer = 500 ng/ml]

Metamfetamina cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Conferma
[Risposta = 500 ng/ml]

Amphetamines confirm Method:Prid:Pt:Urine:Nom:*\br/>[Answer = GC/MS]

Amfetamina metodo conferma:Prid:Pt:Urine:Nom:*\br/>[Risposta= GC/MS]

3.8.4 Risultati di esami per singolo farmaco/metabolita

Le sostanze singole possono essere riportate come screening (ordinale) conferme (ordinale) o conferme (quantitative – solitamente concentrazioni di massa o di sostanza), sebbene alcuni laboratori le riportino anche come screening (quantitativo). I termini ordinali per la refertazione di sostanze individuali dovrebbero sempre specificare un Metodo di “screening” o “conferma”.

Gli screening per test di gruppo possono essere confermati da conferme di gruppo (come menzionato sopra) o tramite conferme singole.

(O ordinale o quantitativa secondo la preferenza del laboratorio interessato).

3.8.4.1 Screen test individuale (ordinale)

Methamphetamine:PrThr:Pt:Urine:Ord:Screen
Example answer: “present”

Metamfetamina:PrThr:Pt:Urine:Ord:Screening
Esempio risposta: “presente”

3.8.4.2 Screen test individuale (quantitativo)

Methdone:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen
Example answer: "150 ng/ml"

Metadone: MCnc:Pt:Urine:Qn:Screening
Esempio risposta: "150 ng/ml"

3.8.4.3 Conferma test individuale (ordinale)

Methamphetamine:PrThr:Pt:Urine:Ord:Confirm
Example answer: "present"

Metamfetamina:PrThr:Pt:Urine:Ord:Conferma
Esempio risposta: "presente"

3.8.4.4 Conferma test individuale (quantitativo)

Methamphetamine:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm
Example answer: "250 ng/ml"

Metamfetamina:MCnc:Pt:Urine:Qn:Conferma
Esempio risposta: "250 ng/ml"

Test individuali possono anche essere riportati come quantitativo semplice (senza conferma o screening) come nel caso del monitoraggio per livello di farmaco terapeutico.

3.8.4.5 Sostanza singola misurata in modo quantitative: screening/conferma non rilevante.

Digoxin:MCnc:Pt:Ser/Plas:Qn
Example answer: "1.2 ng/ml"

Digossina:MCnc:Pt:Siero/Plasma:Qn
Esempio risposta: "1.2 ng/ml"

3.8.5 Questioni che riguardano la denominazione

Per le conferme, cercheremo sempre degli analiti specifici. Ad esempio, non si cercherebbe mai tetraidrocannabinolo, ma piuttosto delta-9- tetraidrocannabinolo, 11-idrossicannabinolo, ecc.

3.8.6 Riassunto

Per ciascun "gruppo", LOINC definisce il seguente insieme di termini:

"Analyte group":PrThr:Pt:Urine:Ord:Screen
"Analyte group":PrThr:Pt:Urine:Ord:Confirm
"Analyte group":MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm
"Analyte group" tested for:Prid:Pt:Urine:Nom:Screen
"Analyte group" tested for:Prid:Pt:Urine:Nar:Screen
"Analyte group" positive:Prid:Pt:Urine:Nom:Confirm
"Analyte group" screen Method:Prid:Pt:Urine:Nom:*
"Analyte group" confirm Method:Prid:Pt:Urine:Nom:*

"Gruppo analita":PrThr:Pt:Urine:Ord:Screening
"Gruppo analita":PrThr:Pt:Urine:Ord:Conferma
"Gruppo analita":MCnc:Pt:Urine:Qn:Conferma
"Gruppo analita" tested for:Prid:Pt:Urine:Nom:Screening
"Gruppo analita" testato per:Prid:Pt:Urine:Nar:Screening
"Gruppo analita" positivo:Prid:Pt:Urine:Nom:Conferma
"Gruppo analita" metodo screening:Prid:Pt:Urine:Nom:*
"Gruppo analita" metodo conferma:Prid:Pt:Urine:Nom:*

Per ogni individuale analita, LOINC adesso definisce il seguente insieme di termini:

Analyte:PrThr:Pt:Urine:Ord:Screen
Analyte:PrThr:Pt:Urine:Ord:Confirm
Analyte:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm

Analita:PrThr:Pt:Urine:Ord:Screening
Analita:PrThr:Pt:Urine:Ord:Conferma
Analita:MCnc:Pt:Urine:Qn:Conferma

Analyte:MCnc:Pt:Urine:Qn
Analyte cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screen
Analyte cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Confirm

Analita:MCnc:Pt:Urine:Qn
Analita cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Screening
Analita cutoff:MCnc:Pt:Urine:Qn:Conferma

3.9 Assegnazione dei nomi LOINC per la Genetica Molecolare

3.9.1 Introduzione

Il testing in patologia molecolare può essere usato per molti scopi. In testing per malattie infettive per identificare organismi e mutazioni negli stessi; in analisi genetica per identificare mutazioni, incluse: sostituzioni, cancellazioni, inserzioni, frameshift, e ripetizioni del trinucleotide; per identificare traslocazione cromosomica specifica e clonalità nella leucemia e nei linfomi; per identificare diversi geni associati a tumore

e cancellazioni del gene; in testing per la paternità per determinare la probabilità che una persona sia genitore di un bambino; e in testing forense per determinare la probabilità che un criminale sia associato a del materiale genetico che ha lasciato come prova.²⁵

I nomi dei termini LOINC seguono le raccomandazioni e nomenclatura di altri standard. Con l'aumento di test di genetica molecolare, le nostre convenzioni sulle denominazioni si stanno evolvendo. I termini esistenti sono in fase di revisione per renderli compatibili con le attuali convenzioni di denominazione. Una descrizione generale dell'approccio di LOINC alla denominazione dei test di genetica molecolare è disponibile nell'articolo di Deckard *et al*²⁶.

3.9.2 Breve panoramica sulla terminologia della genetica molecolare

Per una questione di chiarezza introduciamo brevemente alcuni punti chiave nella terminologia della genetica. **DNA** consiste in una serie di **nucleotidi**, i nucleotidi codificano **amminoacidi**, e una serie di amminoacidi forma una **proteina**. Esistono quattro tipi di nucleotidi (adenina, guanina, citosina e timina) e una sequenza di tre nucleotidi che codifica un amminoacido è chiamata **codone**. I codoni sono numerati dal primo codone che è all'interno della proteina (negli esseri umani è il codone di Metionina) partendo dal codone numero 1. **Locus** si riferisce a un codone DNA (o RNA) specifico o al corrispondente amminoacido prodotto da questo codone.

La stringa di DNA che codifica la proteina solitamente viene interrotto dai segmenti di DNA chiamati **introni**, essi non contribuiscono alla definizione della proteina. Le sequenze di codificazione del DNA tra gli introni sono chiamate **esoni**, che, unite, danno indicazioni per la creazione della proteina specifica. Gli esoni potrebbero essere numerati, es. esone 1, esone 2, ect. I numeri degli esoni a volte appaiono nei nomi delle mutazioni del DNA, ma per una serie di ragioni l'identificazione delle posizioni del codone relativo a un esone è inaffidabile, perciò, ove possibile, nei nomi LOINC cercheremo di evitare una nomenclatura di questo tipo.

Il termine **mutazione** solitamente viene applicato a una variante genetica che provoca un cambiamento funzionale nel gene e appare nella malattia. I cambiamenti genetici che si verificano nella vita del paziente, come una mutazione di tumore, sono chiamati **somatici**, mentre quelli che sono ereditati sono riferiti a un **linea germinale**. La natura del campione e del testing di solito distingue questi due al fine di non rendere necessaria l'inclusione di questa distinzione nei nomi dei test.

Gli **alleli** si riferiscono alle diverse forme di un gene. Essi vengono distinti al livello di fenotipo. Locus si riferisce al codone specifico del DNA (o RNA) o all'amminoacido nella proteina prodotta da questo codone.

3.9.3 Background sui metodi di testing per la Genetica Molecolare

I principali metodi adoperati sono SouthernBlot, che applica la ibridazione del DNA selezionato che è stato "frammentato" da enzimi di restrizione, Northern Blot che applica la ibridazione a tutto l'RNA cellulare (che viene naturalmente in segmenti più piccoli); e polimorfismo della lunghezza dei frammenti di restrizione (RFLP). RFLP dipende dal numero variabile di Tandem Repeats (VNTR) i quali sono normali, ma specifici varianti del DNA di ogni persona. Southern Blot può essere associato con RFLP per puntare sulle mutazioni la cui esatta chimica molecolare risulta sconosciuta. Per completezza, facciamo menzione di Western Blot, il quale applica un metodo *blot* analogo all'analisi delle proteine.

La ibridazione *in situ* è un metodo che applica delle sonde al tessuto intatto. I disegni cellulari delle omologie possono quindi essere lette microscopicamente. Esiste una varietà di metodi per individuare tali sonde *in situ*. Un metodo popolare è ibridazione *in situ* in fluorescenza (FISH). Questa tecnica è analoga a immuno-colorazione se non per il fatto che il binding (legame) molecolare si basa su omologo DNA/RNA invece di antigene-anticorpo binding.

I chip DNA rappresentano un nuovo e radicale modo per identificare le sequenze DNA e RNA. Nella tecnica brevettata AFYMETRIX®, le catene di nucleoside sono cresciute usando metodi come in litografia. Il DNA

²⁵ Antonarakis, SE, and the Nomenclature Working Group. Recommendations for a nomenclature system for human gene mutations. Human Mutation 1998;11:1-3. [PubMed: 9450896].

²⁶ Deckard J, McDonald CJ, Vreeman DJ. Supporting interoperability of genetic data with LOINC. J Am Med Inform Assoc. 2015 May;22(3):621-7. [PubMed: 25656513.]

bersaglio viene etichettato con un rilevatore e “lavato” sopra il chip a fasi. Le posizioni delle etichette sul chip identificano il DNA (RNA) nel campione.

Testing di identità viene usato per identificare i rapporti tra le persone e ha una sua complessità particolare. Nel testing per la paternità, può essere utile avere il DNA del bambino, del padre putativo, e della madre, quando possibile, per poter distinguere gli allele che provengono dal padre.

Il sangue rappresenta il più comune tipo di campione per gli studi di patologia molecolare.

Il DNA viene dai leuciti, il midollo osseo, i tumori, i prodotti della concezione e i campioni forensi sono anche importanti.

Il testing forense ha dei requisiti speciali di rigore e spesso mescola il testing per antigeni nel sangue con il testing RFLP. I risultati vengono solitamente riportati nella forma di una probabilità.

3.9.4 Regole generali per la denominazione in genetica molecolare

L'approccio di LOINC ai test di denominazione si basa su convenzioni stabilite. Per denominare i test genetici che mirano a specifiche variazioni genetiche, LOINC utilizza la terminologia della *Gene Nomenclature Committee* (HGNC) della *Human Genome Organization* (HUGO) (<https://www.genenames.org/>) per nominare il gene(i) e la sintassi della *Human Genome Variation Society* (HGVS, <http://varnomen.hgvs.org/>) per nominare la variazione(i) di interesse.

Quest'ultima fornisce sette tipi di prefissi per identificare i tipi di differenza delle sequenze di riferimento utilizzate nella denominazione dei difetti genetici come descritto nella Tabella 18. A partire dalla versione 2.66 di LOINC, LOINC ha termini per i primi quattro (p., c., g., m.).

Tabella 18: Tipi di nomenclatura per l'identificazione della locazione di un difetto genetico	
Designazione	Spiegazione
p	Sequenza di riferimento della proteina basata sulla conta dell'aminoacido (codone).
c	Sequenza di riferimento codificante basata su una trascrizione che codifica una proteina e quindi esclude gli introni. A partire da 3 nucleotidi = un codone, questi produrranno numeri 3 volte più grandi rispetto a quelli basati sulla proteina.
g	Sequenza di riferimento genomica basata sulla conta del primo nucleotide nel DNA per il gene di interesse, così come esiste nativamente nel cromosoma con gli introni inclusi.
m	Sequenza di riferimento mitocondriale basata sulla conta del primo nucleotide nella sequenza completa del DNA mitocondriale.
n	Sequenza di riferimento non codificante basata su una trascrizione che non codifica una proteina.
o	Sequenza di riferimento genomica circolare, ad esempio, per plasmidi o determinati virus.
r	Sequenza di riferimento dell'RNA

Le regole di denominazione HGVS si sono evoluti da allora. Nel nostro approccio iniziale, abbiamo utilizzato la convenzione di denominazione in vigore, basata su proteina, per ottenere la seguente denominazione per la mutazione più comune che causa la fibrosi cistica:

CFTR gene.p.F508del:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

CFTR gene.p.F508 del:PrThr:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen

Per ragioni di chiarezza, HGVS preferisce ora le abbreviazioni a tre lettere di aminoacidi piuttosto che le abbreviazioni ad un lettera che abbiamo usato nell'esempio di cui sopra.

Sosteniamo pienamente lo stile di denominazione HGVS per la denominazione di mutazioni al livello di aminoacidi, ma non tutti sono stati rapidi ad adottarlo. Il vecchio stile, forse a causa della sua concisione, persiste. Mentre aggiorniamo i codici esistenti per armonizzare con le linee guida HGVS attuali, renderemo più facile per gli utenti trovare i nostri nomi di test includendo il vecchio stile come sinonimi del nuovo stile.

Seguendo le norme vigenti di HGVS, il nome di cui sopra sarebbe:

CFTR gene.p.Phe508del:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Nel riportare varianti a livello di aminoacidi, usiamo la nomenclatura per le mutazioni di geni umani proposti dal Beaudet²⁷ nel component o nella risposta quando la mutazione viene segnalata come una risposta. Un elenco di codici di aminoacidi a una e a tre lettere è riportato nella Tabella 19.

Tabella 19: Elenco di codici per amino-acidi composti da una singola lettera		
Amino-acido	Simbolo ad 1 lettera	Simbolo a 3 lettere
Alanina	A	Ala
Arginina	R	Arg
Asparagina	N	Asn
Acido aspartico	D	Asp
Cisteina	C	Cys
Acido Glutamico	E	Glu
Glutamina	Q	Gln
Acido piroglutammico	pQ	pGlu
Glicina	G	Gly
Istidina	H	His
Idrossiprolina, 4(R)-L-	O	Hyp
Isoleucina	I	Ile
Leucina	L	Leu
Lisina	K	Lys
Metionina	M	Met
Fenilalanina	F	Phe
Prolina	P	Pro
Serina	S	Ser
Treonina	T	Thr
Triptofano	W	Trp
Tirosina	Y	Tyr
Valina	V	Val
Sconosciuto	X	

HGVS ha fatto altri cambiamenti nello stile di denominazione. In generale ora preferiscono descrivere la variante a livello di DNA codificante come variazioni nucleotidiche piuttosto che al livello proteico come cambiamenti di aminoacidi. La mutazione della fibrosi cistica riportata sopra avrebbe la seguente codificazione del nome basato sul DNA:

CFTR gene.c.1512_1523del:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Per le variazioni nucleotidiche, hanno aggiustato la sintassi per la rappresentazione di un cambiamento da una stringa di nucleotidi ad un'altra come # Stringa1>Stringa2 piuttosto che Stringa # Stringa2, dove # è un numero intero che rappresenta la posizione del nucleotidi della variazione.

Un'altra causa comune di fibrosi cistica è una mutazione che, a livello degli aminoacidi si chiamerebbe p.Gly551Asp con la nuova convenzione di denominazione basata su proteina, c.G1652A con la vecchia convenzione di denominazione del DNA e c.1652G > A con la nuova convenzione di denominazione genetica. (Si noti, ovviamente, che più di un nome di variazione a livello di nucleotidi può corrispondere a un singolo nome di variazione di aminoacidi).

Se non sono in atto delle linee guida chiare, per una determinata variante quando si crea un codice LOINC, può essere utilizzato il nome variante comune. LOINC farà ricorso all'uso del nome della malattia soltanto quando il gene non ha un nome e/o quando il difetto genetico non è pienamente specificato. Includeremo sempre il nome della malattia genetica nel relativo campo nome del database quando la malattia non è parte del component. Ciò permetterà agli utenti di trovare con facilità il termine LOINC anche tramite il nome della malattia.

3.9.4.1 Campioni nella genetica molecolare

Il sangue è il campione più comune per gli studi sulla patologia molecolare. Anche i leucociti, il midollo osseo, i tumori, i prodotti della concezione e campioni forensi contengono DNA e rappresentano dei campioni

²⁷ Beaudet AL, Tsui LC. A suggested nomenclature for designating mutations. Human Mutation 1993;2 (4) :245-248. [PubMed: 8401532].

importanti. Il System (campione) usato nel nome LOINC per il testing genetico sarà di solito Sangue/tessuto poiché la distinzione fra questi due campioni risulta raramente importante per quanto riguarda il risultato di un test di patologia molecolare. Abbiamo fatto una divisione ulteriore per inserire i campioni fetali (Tessuto^feto). Altri campioni sono liquido amniotico, CVS, midollo osseo, il tessuto fissato, e CFS.

3.9.4.2 Metodi nella genetica molecolare

In generale, non creiamo delle variabili separate per ciascun tipo di metodo in genetica molecolare, (es., Southern Blot, Northern Blot, PCR, polimorfismo della lunghezza dei frammenti di restrizione (RFLP)), poiché i metodi diversi non forniscono risultati con una differenza significativa. Inoltre, esiste una pletora di varianti di metodo minore, e non potremmo mai sperare di tenere testa alla loro proliferazione. Dunque, useremo, invece, un metodo generico Molgen (per metodo di genetica molecolare) per indicare che un risultato di analisi è basato su un metodo di genetica molecolare piuttosto che su qualche metodo chimico o antigenico.

Tuttavia, quando i risultati di una determinata tecnica di patologia molecolare sono significativamente diversi, noi distinguiamo il metodo. Esempi di metodi specifici di patologia molecolare in LOINC includono ibridazione in situ fluorescente (FISH), sequenziamento, amplificazione legatura-dipendente multipla della sonda (MLPA), e ibridazione genomica comparativa su microarray (arrCGH).

3.9.4.3 Narrativa e refertazione del livello del documento nella genetica molecolare

I referti 'narrativi' in patologia molecolare sono spesso utilizzati per fornire risultati di analisi di mutazione, ma non hanno risposte separate codificate. Scoraggiamo l'uso di questo approccio perché non è utile per analisi automatizzate. Dal momento che questi tipi di risultati includono spesso alcuni elementi strutturati, useremo la proprietà "Cerca" e la scala "Doc" a partire dalla versione 2.54. La scala "Doc" indica una raccolta di informazioni (es., i risultati che sono all'interno di un referto), strutturate e non strutturate. Per essere d'aiuto alla refertazione strutturata, assoceremo a questi termini specifici delle osservazioni che potrebbero essere utilizzate per mandare informazioni in un format strutturato. Mediante questo approccio i laboratori continueranno ad avere la flessibilità a inviare il contenuto del referto. Tuttavia, incoraggiamo anche a riportare dei dati importanti come i risultati strutturati mediante l'utilizzo delle variabili di osservazione associata cosicché possa essere più facilmente comprensibile dai computer. Useremo questo modello per i termini recentemente creati per i test della patologia molecolare, e al contempo stiamo riflettendo sull'approccio migliore per passare i termini esistenti a questo formato nel futuro.

3.9.4.4 Fenotipo e genotipo inferiti

A partire dalla versione 2.66, abbiamo i termini LOINC per i risultati di genotipo e fenotipo derivati dalla rispettiva analisi di genotipo o fenotipo. Per tali concetti includiamo la parola "inferito" nel Component.

Un esempio è un panel di banca del sangue che viene utilizzato per segnalare se ci si aspetta che sia presente un antigene RBC in un campione di un paziente o di un donatore basato sull'analisi molecolare del gene corrispondente, come la presenza di K Ag basata sull'analisi del Gene KEL, per il quale il Component è il fenotipo inferito K Ag. L'esempio inverso è un test che riporta il genotipo del gene APOL1 basato sull'analisi delle isoforme dell'apolipoproteina L1; per questo termine, il Component è il genotipo inferito APOL1.

3.9.5 Malattie infettive

Per informazioni sulla genetica molecolare nel campo delle malattie infettive, si veda la Sezione 3.4.3 - Identificazione di microrganismi basata su target di acido nucleico.

3.9.6 Malattie genetiche

3.9.6.1 Test diagnostici per l'analisi delle mutazioni

Al momento abbiamo almeno quattro stili diversi per le analisi di mutazione in LOINC:

- 1) Analisi di singola mutazione: Test diagnostici per individuare una specifica mutazione o variante;
- 2) Analisi di mutazione mirata: Test diagnostici per un insieme fisso delle mutazioni più comuni o importanti;
- 3) Analisi di mutazione nota: Test diagnostici per una o più mutazioni che sono state precedentemente identificate in un membro della famiglia affetto;
- 4) Analisi di mutazione genica completa: Test diagnostici effettuati solitamente mediante il sequenziamento dell'intera regione codificante di un gene;

3.9.6.1.1 Saggi diagnostici per il rilevamento di una mutazione o variante specifica

Quando si è alla ricerca di una mutazione, utilizzare lo stile di mutazione singola di LOINC per il nome del gene seguito dalla specificazione della nomenclatura (p, g, c, o m) e la mutazione. Un punto separa il nome del gene dall'identificatore della mutazione.

<gene name> gene.<mutation nomenclature>.<mutation and its location> <nome gene> gene.<nomenclatura mutazione>.<mutazione e posizione>

Ad esempio, la mutazione Factor V Leiden sarebbe rappresentata come F5 gene.p.R506Q. Dove, "F5" identifica il gene, "gene" è una parte fissa, "p" identifica il tipo di nomenclatura per la mutazione (proteina) e "R506Q" indica che l'aminoacido arginina (R) viene sostituito da glutammina ((Q). (vedi tabella 19) a codone #506.

Seguono alcuni esempi di nomi LOINC interamente specificati per test per mutazioni specifiche:

F5 gene.p.R506Q:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = Factor V Leiden, Factor V resistance, APC resistance gene

F5 gene.p.R506Q:PrThr:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimi = Fattore V Leiden, Resistenza del fattore V, gene della resistenza APC

HFE gene.p.C282Y:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = HLA-H gene, hemochromatosis gene

HFE gene.p.C282Y:PrThr:Pt: Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimi = gene HLA-H, gene dell'emocromatosi

CFTR gene.p.F508 del:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = Cystic Fibrosis Transmembrane Regulator

CFTR gene.p.F508 del:PrThr:Pt: Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimi = Regolatore della membrana per fibrosi cistica

Come detto in precedenza, HGVS ora consiglia di usare le abbreviazioni aminoacidi a tre lettere piuttosto che le abbreviazioni aminoacidi ad una lettera. Man mano che i codici esistenti verranno aggiornati, aggiungeremo i sinonimi per il vecchio stile per facilitare la ricerca dei nostri nomi di test.

Un tipo di procedura di test identifica una singola mutazione usando due sonde DNA: una per il locus normale e l'altra per il locus anormale. Quando reagisce soltanto la sonda normale, il laboratorio riporta "nessuna mutazione" o "wild type". Quando reagiscono sia la sonda normale che quella per le mutazioni, il laboratorio riporta "heterozygous" Quando reagisce soltanto la sonda per le mutazioni, riporta "homozygous". Di conseguenza, tale testing per le singole mutazioni produce una fra tre "risposte" ordinali:

- a) Nessuna mutazione (wild type)
- b) Mutazione eterozigote (la mutazione trovata in un gene)
- c) Mutazione omozigote (la mutazione trovata in entrambi i geni nella copia di geni)

Testing specifico di questo tipo è possibile solo quando la patologia molecolare del gene è molto ben conosciuta e solo un difetto viene refertato.

Sia il livello del documento (Scala è Doc) che i codici ordinali (Scala è Ord) sono disponibili nel database LOINC per i test sulla variante singola. Nei casi in cui viene testata più di una variante, sarà utilizzata la scala nominale. Come specificato in precedenza, incoraggiamo l'uso dei codici del livello del documento per l'ordine e il risultato generale del referto, il quale può essere usato insieme a codici aggiuntivi LOINC per la refertazione di risultati discreti.

Risultati per specifiche mutazioni o variants possono essere riportati come due osservazioni separate: un'osservazione che riporta il tipo di mutazione (allele) trovato nel primo cromosoma e un'altra che riporta il tipo di mutazione per il cromosoma accoppiato. In questo caso, l'identità dell'allele viene riportato nella risposta. Ad esempio:

APOE gene allele 1:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen
Answers = E2, E3, or E4

APOE gene allele 1:Prid:Pt: Sangue/Tessuto:Nom:Molgen
Risposte = E2, E3, or E4

APOE gene allele 2:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen
Answers = E2, E3, or E4

APOE gene allele 2:Prid:Pt:Sangue/Tessuto:Nom:Molgen
Risposte = E2, E3, or E4

3.9.6.1.2 Analisi di mutazione mirata

L'approccio di LOINC per rappresentare l'analisi di mutazione genetica per molte variazioni genetiche all'interno di uno o più geni ha avuto la seguente forma:

<gene or disease name> targeted gene mutation analysis:Find:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen

<nome gene o malattia> analisi di mutazione gene specifica:Find:Pt:Sangue/Tessuto:Nom:Molgen

Per esempio:

CFTR gene mutation analysis:Find:Pt:Bld/Tiss:Doc:Molgen
Synonyms = Cystic fibrosis transmembrane regulator

CFTR analisi mutazione gene:Find:Pt: Sangue/Tessuto:Nom:Molgen
Sinonimi = Regolatore di transmembrane per fibrosi cistica

BRCA1 gene mutation analysis:Find:Pt:Bld/Tiss:Doc:Molgen
Synonyms = breast cancer risk gene

BRCA1 analisi mutazione gene:Find:PT:Sangue/Tessuto:Nom:Molgen
Sinonimi = gene rischio tumore del seno

Per ciascuna di queste analisi di mutazione suggeriamo una refertazione delle mutazioni che erano state testate attraverso un codice LOINC aggiuntivo, come LOINC 36908-2 (Mutazioni genetiche testate per) o un'osservazione LOINC companion code con le parole "mutazioni testate per":

<Gene or disease name> gene mutations tested for:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen.

<Gene o nome malattia> gene, mutazioni testate per:Prid:Pt: Sangue/Tessuto:Nom:Molgen.

Ad esempio:

CFTR gene mutations tested for:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nom:Molgen
Example answers: "Delta F508", "G542X", "R553X", "W1282X", "N1303K", etc.

CFTR mutazioni gene per le quali test è effettuato:Prid:Pt:Sangue/Tessuto:Nom:Molgen
Esempio risposte: —Delta F508I, —G542XI, —R553XI, —W1282XI, —N1303KI, etc.

Questo codice LOINC supplementare è necessario per segnalare la mutazione(i), che avremmo potuto trovare in una determinata analisi in modo che i medici possano sapere ciò che è stato cercato quando non sono state trovate anomalie.

I termini di cui sopra potrebbero essere utilizzati per ordinare o riportare i risultati di un dato analisi di mutazione. I codici sia a livello del documento (Scala è Doc) sia nominali (Scala è Nom) sono disponibili nel

database LOINC. Come specificato in precedenza, incoraggiamo l'uso dei codici del livello del documento per l'ordine e il risultato generale del referto, il quale può essere usato insieme a codici aggiuntivi LOINC per la refertazione di risultati discreti. I risultati per tale analisi potrebbero essere: 1) nessuna mutazione patologica trovata o 2) un elenco di singole mutazioni/variazioni trovate. Nel riportare mutazioni discrete come risultati, si propone di utilizzare la nomenclatura HGVS e includere (tra parentesi) le versioni storiche dei nomi di mutazione in presenza di tali.

3.9.6.1.3 Analisi di mutazione nota

I primi due approcci sono comunemente chiamati analisi di mutazione “mirata”, o ricerca di mutazioni specifiche all'interno di un determinato gene. I laboratori possono offrire analisi sia per l'analisi di mutazione mirata e analisi per le mutazioni familiari note. Le mutazioni familiari note sono quelle precedentemente individuate in un membro della famiglia affetto. Per distinguere questi approcci di analisi, LOINC definisce ulteriormente le analisi per le mutazioni familiari note:

<Gene name> gene mutation analysis limited to known familial mutations:Find:Pt:Bld/Tiss:Doc:Molgen
<Nome gene> analisi di mutazione limitata a mutazioni familiari note:Find:Pt:Sangue/Tess:Doc:Molgen

Per esempio:

TNFRSF13B gene mutation analysis limited to known familial mutations:Find:Pt:Bld/Tiss:Doc:Molgen
TNFRSF13B, gene, analisi di mutazione limitata a mutazioni familiari note:Find:Pt:Sangue/Tess:Doc:Molgen

Dal momento in cui l'analisi può coinvolgere più di una mutazione nota, soprattutto per le condizioni autosomiche recessive, LOINC utilizza la forma plurale di mutazioni nel Component. Tuttavia, questi termini si riferiscono anche all'analisi per una sola mutazione familiare nota.

3.9.6.1.4 Analisi di mutazione genetica completa

Per descrivere l'analisi di mutazione sequenziando l'intera regione codificante del gene, usiamo:

TNFRSF13B gene full mutation analysis:Find:Pt:Bld/Tiss:Doc:Sequencing
TNFRSF13B, gene analisi mutazione completa::Find:Pt:Sangue/Tess:Doc:Sequenziamento

Qui, includiamo il metodo di sequenziamento poiché questa è una tecnica comunemente usata per identificare mutazioni con l'intera regione codificante di un gene.

3.9.6.2 Dosaggi diagnostici per grandi delezioni e/o duplicazioni

Il rilevamento di duplicazioni genomiche o delezioni più grandi (> 50 bp) è fatto attraverso varie tecniche, tra cui amplificazione legatura-dipendente multipla della sonda (MLPA) e ibridazione genomica comparativa su array (arrCGH). Le tecniche MLPA e arrCGH rilevano dosaggio genico. Per descrivere le analisi per grandi delezioni e/o duplicazioni (inserimenti) all'interno di un gene, usiamo:

LDLR gene deletion+duplication:Prid:Pt:Bld/Tiss:Nar:MLPA
LDLR, gene, delezione+duplicazione:Prid:Pt:Sangue/Tess:Nar:MLPA

In questo caso, specifichiamo il metodo di amplificazione legatura-dipendente multipla della sonda (MLPA). MLPA è una tecnica comune utilizzata per rilevare il dosaggio gene di delezioni e duplicazioni genomiche (ad esempio uno o più esoni interi) e determinare il numero di copie del gene.

3.9.6.3 Ripetizioni Trinucleotide

Diverse malattie, la maggior parte delle quali si manifesta come disturbi neurologici, sono causate da eccessive ripetizioni di trinucleotidi specifici, e l'età dell'inizio della malattia è inversamente proporzionale al numero di ripetizioni in eccesso. Esempi di tali disturbi includono:

Sindrome del cromosoma X fragile (FRAX)
Malattia di Huntington
Atassia Spinocerebellare (SCA1)

Denominiamo il component di questi termini con il nome del gene quando lo stesso è ben definito o con il nome della malattia, e il nome del trinucleotide che ripete, più la parola “ripetizioni”.

<disease or gene name>. <trinucleotide> repeats

<nome malattia o gene> .<trinucleotide> ripetizioni

Per esempio, la malattia Huntington andrebbe rappresentata come segue:

HTT gene.CAG repeats

HTT gene. Ripetizioni CAG

Esempi di alcuni nomi LOINC interamente specificati sono:

FRAXE gene.CGG repeats:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonym = Fragile x syndrome

FRAXE gene.CGG ripetizioni:PrThr:Pt: Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimo = Sindrome del cromosoma X fragile

HTT gene.CAG repeats:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

HTT gene.CAG ripetizioni:PrThr:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen

Synonym = Huntington Disease, It15, HD, Huntington Chorea

Sinonimo = Malattia di Huntington, It15, HD, Corea di Huntington

Spinocerebellar ataxia genes.CAG repeats:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Atassia Spinocerebellare geni. CAG ripetizioni:PrThr:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen

DMPK gene.CTG repeats:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonym = Myotonic Dystrophy

DMPK gene.CTG ripetizioni:PrThr:Pt: Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimo = Distrofia miotonica

Questi sono solitamente riportati come “non amplificato” “ indeterminato”, o “amplificato”, quindi la scala è Ord.

Quando il numero effettivo di ripetizioni del trinucleotide è riportato, la proprietà è numero entitico (EntNum) e la scala è quantitativa (Qn), ed i risultati sono riportati separatamente per ogni allele.

Esempi sono:

HTT gene allele 1.CAG repeats:EntNum:Pt:Bld/Tiss:Qn:Molgen

HTT gene allele 2.CAG repeats:EntNum:Pt:Bld/Tiss:Qn:Molgen

DMPK gne allele 1.CTG repeats:EntNum:Pt:Bld/Tiss:Qn:Molgen

DMPK gne allele 2.CTG repeats:EntNum:Pt:Bld/Tiss:Qn:Molgen

3.9.6.4 Ri-arrangiamento genico in emopatologia

Le cellule immuni sono ditate di una variabilità innata a causa di ri-arrangiamento. Questo ri-arrangiamento unico può essere usato per identificare lo sviluppo di un clone di un tipo di cellula come avviene in molti tumori delle cellule linfatiche (es., linfoma). Usiamo il formato seguente per identificare l'eccesso clonale:

Immunoglobulin heavy chain gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Immunoglobulin heavy chain gene rearrangements:Arb:Pt: Sangue/Tessuto:Ord:Molgen

Immunoglobulin kappa light chain gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Immunoglobulin kappa light chain gene rearrangements:Arb:Pt: Sangue/Tessuto:Ord:Molgen

Immunoglobulin lambda light chain gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Immunoglobulin lambda light chain gene rearrangements:Arb:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen

TCRD gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Synonym = T cell receptor delta chain

TCRD gene rearrangements:Arb:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen

Sinonimo = T cell receptor delta chain

TCRG gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen

Synonym = T cell receptor gamma chain

TCRG gene rearrangements:Arb:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen

Sinonimo = T cell receptor gamma chain

Questi andrebbero riportati come “clonale” o “non clonale”.

3.9.6.5 Alterazioni cromosomiche: traslocazioni, delezioni, e inversioni

La nomenclatura LOINC segue le linee guida del Sistema Internazionale per la Nomenclatura della Citogenetica Umana (ISCN) per descrivere le alterazioni cromosomiche, tra cui traslocazioni, delezioni e inversioni grandi. I test per individuare i geni o trascritti di fusione (RNA, cDNA) a causa di un'alterazione cromosomica sono designati come segue:

t(<Chromosome of breakpoint gene 1>;<Chromosome of breakpoint gene 2>)(<Location on chromosome 1>;<Location on chromosome 2>)(<gene1>;<gene2>) fusion transcript

Per esempio:

t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) fusion transcript:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = Philadelphia chromosome, BCR1, chronic myeloid leukemia, CML

T(9;22)(ABL1,BCR) gene translocation:Arb:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimi = Cromosoma Philadelphia, BCR1, leucemia mieloide cronica, CML

t(14;18)(q32;q21.3)(IGH,BCL2) fusion transcript:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = Follicular B cell lymphoma, oncogene B-cell leukemia 2, CLL, chronic lymphatic leukemia, follicular lymphoma

T(14;18)(IGH,BCL2) traslocazione gene:Arb:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimi = Linfoma follicolare a cellule B, leucemia 2 a cellule B oncologiche, CLL, leucemia linfatica cronica, linfoma follicolare

t(15;17)(q24.1;q21.1)(PML,RARA) fusion transcript:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = RAR, promyelocytic leukemia, myelogenous, retinoic acid receptor, acute promyelocytic leukemia, APL

T(15;17)(PML,RARA) traslocazione gene:Arb:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimi = RAR, leucemia promielocitica, mieloide, recettore dell'acido retinoico, leucemia promielocitica acuta, APL

Per delezioni e inversioni cromosomiche, 't' di cui sopra sarebbe sostituito con 'del' o 'inv', rispettivamente:

del(1)(p32p32)(STIL,TAL1) fusion transcript:PrThr:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = SCL/TAL1 interrupting locus, T-cell acute lymphoblastic leukemia, ALL, T-ALL, TAL-1 deletions

del(1)(p32p32)(STIL,TAL1) trascritto di fusione:PrThr:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen
Sinonimi = SCL/TAL1 interrupting locus, leucemia linfoblastica acuta a cellule T, delezioni ALL, T-ALL, TAL-1

In alcuni casi, l'analisi può comportare paragonare il trascritto di fusione ad un trascritto di controllo e i risultati possono essere riportati come rapporto numerico (NRto), rapporto di log number (LnRto) o rapporto relativo (RelRto):

t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) fusion transcript/control transcript:NRto:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) trascritto di fusione/trascritto di controllo:NRto:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen

t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) fusion transcript/control transcript:LnRto:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) trascritto di fusione/trascritto di controllo:LnRto:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen

t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) b3a2 fusion transcript/control transcript (International Scale):RelRto:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) b3a2 trascritto di fusione/trascritto di controllo (Scala Internazionale):RelRto:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen

Per specificare break point "principali" o "secondari" usiamo:

t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) fusion transcript major break points:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) break point principali di trascritto di fusione:Arb:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen

t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) fusion transcript minor break points:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) break point secondari di fusione:Arb:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen

Per specificare break point, usiamo:

t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) b2a2+b3a2 fusion transcript:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = major breakpoints, p210, e13a2, e14a2,

t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR) b2a2+b3a2 trascritto di fusione:Arb:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen
Sinonimi = break point principali, p210, e13a2, e14a2,

t(15;17)(q24.1;q21.1)(PML,RARA) bcr1 fusion transcript:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = breakpoint cluster region 1, long form

t(15;17)(q24.1;q21.1)(PML,RARA) bcr1 trascritto di fusione:Arb:Pt:Sangue/Tess:Ord:Molgen
Sinonimi = break point cluster region 1, forma estesa

I termini di traslocazione possono anche essere espressi come frazione delle cellule che hanno il riarrangiamento contro il totale delle cellule interessate.

Cells.t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR)/Cells.total:NFr:Pt:Bld/Tiss:Qn:Molgen
Cellule.t(9;22)(q34.1;q11)(ABL1,BCR)/Cellule.totale:NFr:Pt:Sangue/Tessuto:Qn:Molgen

Se non sono conosciuti i specifici gene-partner, usiamo il pattern:

CCND1 gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = Lymphoma 1

CCND1 riarrangiamenti genici:Arb:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimi = Linfoma 1

BCL2 gene rearrangements:Arb:Pt:Bld/Tiss:Ord:Molgen
Synonyms = Lymphoma 2

BCL2 riarrangiamenti genici:Arb:Pt:Sangue/Tessuto:Ord:Molgen
Sinonimi = Linfoma 2

3.9.7 Test per identità

Coloro che sono impegnati nel test per identità di solito guardano a 4 loci genetici (ciascun locus è sufficientemente polimorfo perché qualsiasi singola combinazione abbia 10% di possibilità di essere non corretto) I locus sono indipendenti, quindi se tutte le 4 si sonde si abbinano (incluse tutte le esclusioni e le inclusioni) la probabilità di un abbinamento erroneo è 0,0001 (uno su 10.000). Possono usarne più di quattro secondo il grado di sicurezza richiesta dal testing. La comunità forense sceglie da un set di circa 20 sonde.

Noi proponiamo due stili per la refertazione del testing per identità: atomico e definizioni pre-coordinate.

3.9.7.1 Stile atomico

Questo stile adopera una serie di nomi LOINC per riportare il tipo di caso di indice, il tipo di comparazione, i risultati del testing per identità, e tutti gli altri componenti separati del testing. Include un'osservazione per la refertazione delle sonde effettivamente usate, e un'altra osservazione per la refertazione della popolazione assunta dalle sonde. Il metodo sarà MOLGEN.IDENTITY.TESTING. Ad esempio:

DNA probes used:Prid:Pt:Index case^comparison case:Nom: Molgen.identity.testing
Sonde DNA usate: Prid:Pt:Index case^comparison case:Nom: Molgen.identità.testing

Population base:Prid:Pt:Probes:Nom: Molgen.identity.testing
Popolazione base:Prid:Pt:Sonde:Nom: Molgen.identità.testing

Relationship:Type:Pt:index case:Nom: Molgen.identity.testing
Answers = child, victim, suspect
Rapporto:Tipo:Pt:index case:Nom: Molgen.identità.testing
Risposte = bambino, vittima, sospettato

Relationship:Type:Pt:^comparison case:Nom: Molgen.identity.testing
Answers = mother, alleged mother, father, alleged father, evidence
(external to victim)
Rapporto:Tipo:Pt:^comparison case:Nom: Molgen.identità.testing
Risposte = madre, madre presunta, padre, padre presunto, prove
(esterne alla vittima)

Conclusion:Imp:Pt:index case^comparison case:Nar: Molgen.identity.testing
(gives a summary statement of the conclusion about identity of relatedness)
Conclusione:Imp:Pt:index case^comparison case:Nar: Molgen.identità.testing
(questo fornisce una dichiarazione di sintesi della conclusione riguarda identità e legame)

3.9.7.2 L'alternativa di definizioni pre-coordinate

Alcuni dei termini atomici di cui sopra (es., sonde DNA usate) potrebbero anche essere riportati con i risultati pre-coordinati.

Relationship:likelihood: child^alleged mother:Qn:Molgen.identity.testing
 Synonyms= maternity testing
 (gives the likelihood that the alleged mother is the mother of the index child)
 Rapporto:probabilità: child^madre presunta:Qn:Molgen.identità.testing
 Sinonimi= testing maternità
 (dà la probabilità che la madre presunta sia la madre del bambino index)

Relationship:likelihood:child^alleged father:Qn:Molgen.identity.testing
 Synonyms = paternity testing
 (gives the likelihood that the alleged father is the father of the index child)
 Rapporto:probabilità: child^padre presunto:Qn:Molgen.identità.testing
 Sinonimi = testing paternità
 (dà la probabilità che il padre presunto sia il padre del bambino index)

Relationship:likelihood: victim^suspect:Qn:Molgen.identity.testing
 (gives the likelihood that the genetic material on the victim is that of the suspect)
 Rapporto:probabilità:vittima^sospettato: Qn:Molgen: identità:testing
 (dà la probabilità che il materiale genetico sulla vittima sia del sospettato)

Relationship:likelihood: suspect^victim:Qn:Molgen.identity.testing
 (gives the likelihood that the genetic material on the suspect is that of the victim)
 Rapporto:probabilità:sospettato^vittima: Qn:Molgen: identità:testing
 (dà la probabilità che il materiale genetico sul sospettato sia della vittima)

Identity:likelihood:evidence^suspect:Qn:Molgen.identity.testing
 (gives the likelihood that the genetic material on the evidence is that of the suspect)
 Identità:probabilità:material di prova^sospettato:Qn:Molgen:identità:testing
 (dà la probabilità che il materiale genetico sul materiale di prova sia del sospettato)

Identity:likelihood:evidence^victim:Qn:Molgen.identity.testing
 (gives the likelihood that the genetic material on the evidence is that of the victim)
 Identità:probabilità:material di prova^vittima:Qn:Molgen:identità:testing
 (dà la probabilità che il materiale genetico sul materiale di prova sia della vittima)

3.9.8 Genetica Tumorale

Con l'utilizzo dei modelli descritti in questa sezione, LOINC dispone di termini per molti test di genetica importanti per il cancro, inclusi i test relativi ai geni soppressori del tumore (es. BRCA1, BRCA2, e p.53), o oncogeni (es. HER2), e altro.

3.10 Nomenclatura di antigene e allele HLA

Le convenzioni per le denominazioni degli alleli HLA e degli antigeni sono specificate dalla WHO Nomenclature Committee For Factor dell' HLA System. Le raccomandazioni sia per la denominazione dell'allele che per l'antigene si sono evolute a partire dai termini originali HLA che erano rappresentati su LOINC. Abbiamo aggiornato quasi tutti i termini degli alleli e degli antigeni per la versione LOINC 2.54 (Dicembre 2015) al fine di adeguarci alle ultime raccomandazioni della WHO Nomenclature Committee. Le convenzioni per le denominazioni degli alleli HLA e antigeni verranno brevemente descritte in seguito; per ulteriori dettagli si veda <http://hla.alleles.org/>.

I nomi degli alleli iniziano con il prefisso "HLA-" e il nome del gene, seguiti da un asterisco (es. "HLA-A*" o "HLA-DR*") e terminano con quattro set di numeri separati dai due punti. Il primo set di cifre che seguono l'asterisco descrive la tipologia dell'allele che può corrispondere al numero dell'antigene sierologico (es., "HLA-A*01" corrisponde all'antigene HLA-A1). Il secondo set di cifre è il numero del sottotipo che è assegnato nell'ordine in cui quest'ultimo era stato identificato e ordinato. Il terzo e il quarto set descrive le variazioni della sequenza specifica del sottotipo se applicabile.

Anche i nomi degli antigeni iniziano con il prefisso “HLA-” e il gene specifico, ma, diversamente dai primi, essi non sono seguiti da un asterisco. Per HLA-A, -B, -DQ, e -DR, il numero dell’antigene segue immediatamente il nome del gene, e HLA-C, -D, e -DP hanno un caso inferiore w tra il nome del gene e il numero dell’antigene (es. HLA-Cw3). Il caso inferiore w è usato per distinguere gli antigeni C dai fattori complementari, mentre quelli D e DP sono identificati con tecniche cellulari anziché con quelle sierologiche. Molti dei nomi degli antigeni hanno un set di cifre (il numero degli antigeni) che segue il nome del gene, se un antigene originariamente identificato come singolo fosse poi riconsiderato come antigene formato da due entità distinte, l’originale, il numero dell’antigene più grande seguirà il numero specifico tra parentesi. Per esempio, HLA-B38(16) e HLA-B39(16)

3.11 Test allergologici

Oggi, l’industria dei test allergologici fornisce dei test per più di 450 diversi allergeni. Il testing rileva maggiormente gli anticorpi IgE contro questi allergeni. Per alcuni allergeni, testing è disponibile anche per anticorpi IgG e IgA.

Per i termini LOINC che rappresentano testing per allergeni, il component è il nome dell’allergene più il tipo dell’anticorpo (maggiormente IgE). La maggior parte degli allergeni riguardano gli animali, le piante o i derivati di tali entità. In passato (precedentemente alla versione LOINC 2.04), abbiamo usato il nome comune e non quello scientifico per identificare l’allergene. Tuttavia, tale approccio ha comportato delle definizioni di termini duplicate, perché due aziende diverse usavano denominare l’allergene diversamente. Ha anche comportato delle ambiguità a causa del fatto che due diverse specie di animale o di pianta avevano a volte lo stesso nome comune. A partire dalla versione 2.04, abbiamo risolto questi problemi. Per aiutare a ridurre l’ambiguità usiamo adesso il nome in latino della specie dell’entità biologica che provoca l’allergia.

Qualche premessa: Primo, la maggior parte degli allergeni può essere identificata con uno speciale codice da 2-5 caratteri assegnato da Pharmacia²⁸ di cui la maggior parte delle aziende che si occupano di testing per allergeni fa riferimento nei loro cataloghi per testing. Abbiamo usato questi codici per poter identificare termini duplicati o ambigui di test per allergeni. Questi codici Pharmacia sono anche inclusi nel campo per nomi affini nel database. Secondo, i test per allergeni sono spesso riportati con due stili: una misura quantitativa grezza e una classifica di severità ordinale (0-6) (classe RAST). LOINC definisce termini separati per ciascuno di questi stili di refertazione. Ad esempio, i due codici LOINC per la refertazione degli anticorpi IgE a Japanese Millet sono:

```
Echinochloa crus-galli Ab.IgE:ACnc:Pt:Ser:Qn
Echinochloa crus-galli Ab.IgE.RAST class:ACnc:Pt:Ser:Ord
```

La classe RAST è una categorizzazione della misura grezza basata su criteri specifici di allergia. I specifici IgE valori di classe di risultato (1,2,3,4,5, o 6) sono una risposta categorica ordinata piuttosto che una scala numerica continua, quindi i termini (classe RAST) hanno una scala ordinale (Ord).

I laboratori eseguono test per miscele di allergeni per produrre un singolo risultato. Un esempio di come questi test sono rappresentati è mostrato per LOINC 23797-4:

```
(Acer negundo+Quercus alba+Ulmus americana+Populus deltoides+Carya pecan) Ab.IgE:ACnc:Pt:Ser:Ord:Multidisk
Related name = tx2
```

Ci può essere più di un tipo di allergene per una singola pianta. Per esempio, gli anticorpi IgE possono svilupparsi verso il polline e la frutta dello stesso albero. Allo stesso modo, esistono degli anticorpi sia per il grano sia per il polline del grano. In questi casi, il component LOINC conterrà la parola “POLLINE” per distinguere l’allergene del polline dall’allergene del cibo. Ad esempio, il termine LOINC per l’anticorpo IgE granturco (mais) sarebbe:

```
Zea mays Ab.IgE:ACnc:Pt:Ser:Qn:
Related names = f8; cultivated corn; maize
```

²⁸ ImmunoCAP Allergens [Internet]. Uppsala(Sweden): ImmunoCAP; c2006 [updated 2007 November 2; cited 2008 June]. Available from: <http://www.phadia.com/en-GB/5/Products/ImmunoCAP-Allergens/>

Zea mays pollen Ab.IgE:ACnc:Pt:Ser:Qn
 Related names: g202: cultivated corn; maize

3.11.1 Le regole di denominazione per gli allergeni

Il component (analita) per un allergene comprende il nome dell'organismo biologico che è la fonte dell'allergene. Il formal name utilizzerà la denominazione tassonomica in latino, ad es *Arachis hypogaea*. Il long common name utilizzerà il nome comune di tale entità, ad esempio, Arachidi, se ne esiste uno.

Nel caso di allergeni specifici, il component deve anche indicare se l'allergene ha una fonte naturale o se è stato generato tramite il metodo ricombinante aggiungendo la parola "nativo" o "ricombinante", rispettivamente. Antigeni diversi della stessa specie si distinguono con l'aggiunta di un numero di sequenza che riflette approssimativamente quando sono stati identificati.

Dunque si vedranno nomi che contengono contenuti come:

Arachis hypogaea ricombinante 1
 Arachis hypogaea ricombinante 3
 Arachis hypogaea nativa 1
 Arachis hypogaea nativa 3

Tuttavia, come è vero in altre classi di LOINC, a volte inseriamo i sinonimi all'interno del nome analita dell'allergene per aiutare gli utenti a riconoscere il termine secondo le regole di denominazione. Utilizzando la convenzione LOINC, i sinonimi sono racchiusi tra parentesi e seguono immediatamente la parola o le parole che essi rappresentano. Inseriamo acronimi standard utilizzati dalla maggior parte dei produttori di allergeni come sinonimi. Questi iniziano con "n" o "r" minuscola per distinguere gli allergeni nativi da quelli ricombinanti seguiti dalle prime 3 lettere del genere (in latino), uno spazio e la prima lettera della specie (in latino). Se le prime 3 lettere del genere e la prima lettera della specie non sono sufficienti per distinguere tra due allergeni, viene aggiunta la seconda lettera del nome della specie (ad esempio, *Prunus avium* ricombinante (rPru av) 1). Poiché il contenuto tra parentesi rappresenta l'acronimo di antigene e non il codice Pharmacia, il numero di sequenza dell'antigene viene inserito di proposito dopo la parentesi chiusa. Naturalmente aggiungiamo Ab.IgE alla fine di questa denominazione.

Mettendo insieme i pezzi, il nome formale e il nome comune per il component degli allergeni di cui sopra diventano:

Codice LOINC	Formal name del component	Long common name del component
58779-0	Arachis hypogaea recombinant (rAra h) 1 Ab.IgE	Peanut recombinant (rAra h) 1 IgE Ab
58777-4	Arachis hypogaea recombinant (rAra h) 3 Ab.IgE	Peanut recombinant (rAra h) 3 IgE Ab
65769-2	Arachis hypogaea nativa (nAra h) 1, Ab.IgE	Peanut native (nAra h) 1 IgE Ab
65771-8	Arachis hypogaea nativa (nAra h) 3, Ab.IgE	Peanut native (nAra h) 3 IgE Ab

4 Osservazioni e misurazioni cliniche

4.1 Introduzione

Per la maggior parte delle misure, includiamo delle osservazioni separate per dati di sintesi, es., totali produzione urina per fine turno e a 24 ore. Forniamo anche diversi livelli di pre-coordinazione per l'osservazione, la parte del corpo dal quale è stata ottenuta, e il metodo. Ad esempio, un risultato di produzione cardiaca basata sul metodo Fick si distingue da uno computato da dati da un 2D echo cardiaco.

Le misure fisiologiche sono spesso monitorate in modo continuo nel tempo, e lo strumento riporta "statistiche" di sintesi attraverso quel periodo di refertazione. Per segni vitali, questi possono includere valore minimo, massimo, e medio attraverso un periodo di tempo. Per consumo e produzione (output) il totale è la statistica di sintesi solitamente riportata. Quando affrontiamo le misure prese attraverso del tempo, includiamo di solito intervalli da 1 ora, 8 ore, 10 ore, 12 ore e 24 ore per poter coprire le varie durate di turni di lavoro sia all'interno di un istituzione sia in rapporto con i tempi di altre. I nomi LOINC di queste corrispondono alla forma di un campione di urina a 24 ore. I tempi sono registrati nella parte (la terza) del nome che riguarda la durata.

Le parti dei nomi per misure cliniche sono in gran parte uguali a quelle per le misure di laboratorio, con alcune differenze sottili, le quali saranno definite sotto.

Per le parti 2, 3, 5 e 6 (tipo di proprietà, tempo, scala e metodo) c'è una corrispondenza esatta per significato tra i codici clinici LOINC e quelli di laboratorio.

System: La parte 4, corpo del system, ha lo stesso significato generale per misure cliniche e di laboratorio, ma mentre nel caso dei test di laboratorio il system di solito identifica un liquido o comportamento del corpo per implicazione (es., siero, liquido cerebrospinale), per i termini clinici il system è di solito una parte del corpo (es., torace), organo (es., cuore), o parte di un organo (es., cuore, ventricolo). In alcuni casi, il system può essere uno strumento o apparecchio attaccato al system da analizzare (es., apparecchio per OB imaging ecografico).

Component (o Analita): Nel caso di osservazioni di test di laboratorio, il component (parte 1) di solito identifica qualche mezzo chimico distribuito nel system (es., glucosio, o anticorpi HIV). Nel caso dei termini clinici, il component di solito identifica una proiezione di uno spazio a tre o quattro dimensioni ad una misura di una caratteristica particolare (es., intervallo QRS, Sistolica.intracamera) di una misura che cambia col tempo (Cuore.ventricolo.sinistro.tratto di uscita). Inoltre, il component viene usato per distinguere i vari range o inflezioni di un tracciato fisiologico, o per definire precisamente la sezione nello spazio tri- dimensionale in cui vengono misurati un'area o un range.

Il Component include delle cose come i tipi speciali di lunghezza, (es., circonferenza, diametro, o raggio) quando la lunghezza è la proprietà, e il livello specifico ed asse al quale viene presa la misura di una parte specifica del corpo, es., circonferenza a livello del capezzolo. Il component dovrebbe rimuovere qualunque ambiguità per quanto riguarda quale proiezione o asse o specifico arco temporale viene misurato. Quindi se si sta misurando il diametro del rene, il System dovrebbe specificare rene.destro (o rene sinistro), e il Component identificherebbe l'asse e il livello dove viene misurato il diametro (es., sezione trasversale a livello del bacino). Per misurare la circonferenza del torace, il System = torace, il Component = circonferenza a livello del capezzolo, e la Proprietà = lunghezza. Le aree, le lunghezze e i volumi degli organi devono essere tutti sufficientemente specificati nel component per poter distinguere un'area o una lunghezza particolare che viene misurata. Quando una misura cambia durante un ciclo (es., inspirazione, espirazione, diastole, sistole), esso dovrebbe essere specificato nel component. (Durata viene usata per identificare la durata di uno studio intero).

Per la maggior parte delle misure cliniche, il Component è un attributo di un paziente o di un system organo del paziente. Tuttavia sono spesso anche di interesse degli attributi di sistemi che non sono del paziente. Per esempio, potremo voler sapere la classe dello strumento usato per ottenere la misura: cioè, il numero del modello del venditore o il numero di inventario istituzionale per una endoscopia. Tali numeri di identificazione hanno la proprietà di ID. Gli addetti per controllo delle infezioni potrebbero voler la refertazione di questo numero ID per poter rintracciare delle infezioni nosocomiali.

Quando si riportano gli attributi di uno strumento oppure di un apparecchio, il System è il nome dello strumento. Lo stesso vale quando riportiamo le caratteristiche dei tubi usati per introdurre e asportare liquidi dalle cavità del corpo. Ad esempio, potremo voler riportare le dimensioni e il tipo di un tubo naso gastrico.

Tabella 20: Esempi di argomenti trattati nel LOINC clinico

Pressione arteriosa (sistolica, diastolica, e media)
Misure corporee
Peso corporeo (e misure usate per stimare peso ideale)
Ultrasuono cardiaco
Output cardiaco, resistenza, ictus, eiezione, frazione, etc.
Circonferenza torace, cosce, gambe.
Misure di cura intensiva
Dentale
Misure elettrocardiografiche
Cartelle cliniche riparto di emergenza (CDC DEEDS)
Endoscopia gastroenterologia
Battito cardiaco (e natura dell'onda sfigmica)
Apporto e produzione (output)
Principali voci nella nota operativa
Principali voci nella sintesi di dimissioni
Principali voci anamnesi e esame obiettivo all'ammissione
Imaging ultrasuono ostetrico
Misure oftalmologiche
Protocolli per patologia
Gestione ventilazione polmonare
Referti di radiologia
Tasso respiratorio
Standardizzazione strumenti di indagine
Imaging ultrasuoni urologia

Per poter adattare dimensioni particolari delle osservazioni cliniche, abbiamo introdotto delle opzioni nuove per il nuovo tipo di proprietà. Esse sono ciò che si aspetterebbe dai nuovi tipi di dimensione sotto misura (es., resistenza, voltaggio, lavoro per battito). Tuttavia, abbiamo anche introdotto tre importanti nuove proprietà:

Anat Anatomico è un caso speciale di Prid che identifica siti anatomici

Imp Impressione è una dichiarazione diagnostica, sempre una interpretazione o astrazione di qualche altra osservazione (una serie di risultati di test, un'immagine, o un paziente nella sua totalità) ed è quasi sempre generata da un professionista. (Potremo anche considerare le diagnosi automatiche del ECG cart come impressioni). Le impressioni sono usate in medicina di laboratorio nonché in medicina clinica, quindi ci sarà da riscontrare la loro presenza anche lì.

Cerca Cerca è un'osservazione clinica atomica, non una dichiarazione di sintesi come nel caso di impressione. Le revisioni fisiche di sistemi e altre osservazioni hanno la proprietà di Cerca. Esse possono avere la scala di Nom per risultati codificati, Nar per risultati riportati in forma di testo narrativo o Ord per risultati ordinali.

Hx I termini che rappresentano i concetti della cartella clinica riguardo la storia del paziente o della famiglia avevano originariamente dei componenti che iniziavano con "Storia di" ed erano assegnati alla proprietà Cerca. Per la versione di LOINC 2.56 questi termini sono stati aggiornati al fine di eliminare "Storia di" dal Component e modificare Property (Proprietà) con Hx, che esattamente indica ciò che questa Proprietà rappresenta.

Nelle misure cliniche, i super-system (la seconda sottoparte dell'asse System) possono essere necessari. Ad esempio, distinguiamo le misure della testa di un paziente vs. feto come segue:

Circumference.occipital-frontal:Len:Pt:Head:Qn

Circonferenza.occipitale-frontale:Len:Pt:Testa:Qn

Diameter.biparietal:Len:Pt:Head^fetus:Qn

Diametro.biparietale:Len:Pt:Testa^feto:Qn

4.2 Atomico vs. molecolare (nomi pre-coordinati)

Per quanto riguarda i termini clinici, abbiamo quasi sempre due metodi di refertazione. Con il primo, possiamo riportare un'osservazione con la refertazione del numero di variabili atomiche che nel loro insieme descrivono l'osservazione. Per esempio, abbiamo le seguenti osservazioni atomiche per misure di circonferenza. Queste variabili ci permettono di trattare tutti i tipi unici di circonferenza per i quali non abbiamo ancora definito un termine pre-coordinato.

Tabella 21: Esempi di nomi pre-coordinati	
Codice	Descrizione
Circumference:Len:Pt:XXX:Qn	La misura effettiva di una circonferenza
Circumference site:Anat:Pt*:Nom	Identifica la parte del corpo misurata (Specifica il System)
Circumference Method: Type:Pt:XXX:Nom*	Identifica la tecnica di misura adoperata per ottenere la circonferenza (risposte = metro, derivato, imaging)

Forniamo anche dei termini pre-coordinati che uniscono alcune delle variabili atomiche in un unico codice LOINC. Ad esempio, abbiamo:

8279-2 Circumference.at nipple line:Len:Pt:Chest:Qn

8279-2 Circonferenza.altezza linea mammillare:Len:Pt:Torace:Qn

e

8293-3 Circumference^inspiration:Len:Pt:Chest:Qn

8293-3 Circonferenza^inspirazione:Len:Pt:Torace:Qn

che offrono più specificità e permettono l'espressione dei componenti chiave della misura come variabile singola, com'è di norma in molti sistemi clinici. Noi chiamiamo questi codici pre-coordinati variabili "molecolari".

All'interno del database LOINC le variabili molecolari varieranno rispetto a quanti componenti atomici sono aggregati. Com'è vero in molte aree di laboratorio, i metodi spesso non sono inclusi come parte del nome, e non sono neanche sempre riportati. L'aggregazione molecolare più comune è quella fra la misura funzionale e un sito particolare di misura (es., i molti siti intra-vascolari per la misurazione della pressione arteriosa). Però, in alcuni casi le variabili molecolari rappresentano combinazioni di misure specifiche e metodi particolari (es., misure di produzione cardiaca). Si prega notare che la maggior parte delle variabili molecolari potrebbe essere anche accompagnata da una o più misure atomiche per poter fornire delle informazioni riguardo la misura, es., circostanze particolari della misura, o il numero modello del venditore o numero di inventario istituzionale dello strumento di misura.

Quando abbiamo una variabile che effettivamente riporta ciò che sarebbe stato contenuto nel nome di un termine pienamente pre-coordinato, metteremo un asterisco nella parte che sarà riportata come un valore. Ad esempio, una variabile che viene usata per riportare il sito anatomico come variabile atomica avrebbe un asterisco (*) nella parte system del nome. La variabile usata per riportare il metodo di una misura particolare avrebbe un asterisco (*) nella parte metodo del nome.

4.3 Referti di Radiologia

A partire dalla versione LOINC di dicembre 2017, abbiamo completato l'aggiornamento di tutti i nostri contenuti di radiologia secondo il modello unificato LOINC/RadLex, sviluppato attraverso la nostra collaborazione con la Radiological Society of North America (RSNA).

È possibile trovare informazioni sul modello unificato alla fine di questo documento, nell'Allegato - Manuale utente del RadLex-LOINC Radiology Playbook.

La tabella seguente fornisce un riferimento a come gli attributi nel modello unificato corrispondono alle parti principali LOINC.

Tabella 22: Relazione tra le parti LOINC primarie e gli attributi di radiologia	
Parte principale	Attributo di radiologia
Component prima parte (Analita)	Vista Guida Motivo dell'esame
Component seconda parte (Provocazione)	Tempo Manovra Farmaceutico
System	Anatomia Soggetto
Metodo	Modalità

4.4 Registro tumori

In collaborazione con la North American Association of Cancer Registries, Inc (NAACCR, Inc) abbiamo sviluppato un set di codici LOINC che può essere usato per comunicare delle variabili di registri di tumore da istituzioni cliniche a registri di tumore e tra di essi. Questi termini LOINC mappano il contenuto del set dati della NAACCR, e includono delle variabili per delle cose come ad es., l'ospedale dove il tumore è stato diagnosticato per prima, il sito primario anatomico del tumore, le dimensioni del tumore, il grado della diffusione del tumore al momento della diagnosi, e molte altre variabili che possono essere di interesse per i registri di tumore. Il set dei dati NAACCR e altre demografie relative ai tumori sono identificati con la classe TUMRRGT.

Gli standard NAACCR e una guida di implementazione per la trasmissione di queste variabili LOINC per il registro di tumore all'interno di messaggi HL7 sono disponibili al sito web della NAACCR a (<http://naaccr.org/>).

5 Claims Attachments

Per ulteriori informazioni vedi il display in RELMA relativo a HIPAA allegati, la sezione allegati HIPPA nella Guida Utente RELMA, i rispettivi documenti pubblicati da HL7 Attachments Working Group e la sezione Attachments del sito web LOINC (<http://loinc.org/attachments>).

6 LOINC Document Ontology

Questa sezione descrive il nostro approccio per la creazione di un set di codici per tipo di documento. Il lavoro è iniziato come una collaborazione tra il LOINC Committee e l'HL7 taskforce per la Document Ontology, con contributi iniziali da parte di Stan Huff, Pavla Frazier, Bob Dolin, Clem McDonald.

Il contesto e lo sviluppo iniziale dell'ontologia è stato descritto da Frazier et al.²⁹ Nel corso del tempo, abbiamo continuato a migliorare quest'ontologia. In particolare, abbiamo ricevuto contributi eccezionali dei colleghi della Columbia University e il Dipartimento degli Affari dei Veterani degli Stati Uniti.

6.1 Introduzione all'uso di codici per tipo di documento

Con la creazione e il mantenimento di codici per tipo di documento, è importante distinguere fra lo scopo dei nomi per documenti locali e i nomi rappresentati dai codici per tipo di documento. I codici per tipo di documento vengono creati allo scopo di fornire una semantica coerente per i nomi di documenti quando essi vengono condivisi o scambiati fra strutture o imprese indipendenti. I nomi e i codici che vengono usati localmente all'interno di un'impresa sono completamente sotto il controllo dell'impresa locale, e questi nomi hanno valore per il flusso di lavoro e per l'accesso a delle informazioni all'interno dell'impresa. Si assume che l'esatto nome locale per il documento sarà conservato nel sistema che ha creato il documento e che il nome locale può accompagnare il codice per tipo di documento quando il documento viene trasmesso ad una organizzazione esterna. Il codice per tipo di documento dovrebbe solo esprimere il significato in un nome di documento che può essere condiviso da organizzazioni indipendenti.

Per esempio, è appropriato avere nomi per documenti locali come “la nota della clinica del dolore di martedì del Dr. Smith” o “Albuquerque VA Medicina Generale nota di consulta” per l'uso all'interno di un'impresa. Tuttavia, alcune parti di questi nomi molto specifici non hanno un significato all'esterno dell'impresa che ne ha dato origine. Quindi, codici appropriati per tipo di documento avrebbero dei nomi come “Nota paziente ambulatoriale clinica del dolore” o “nota di consulta di medicina generale interna”.

Tabella 22: Esempi di osservazioni cliniche	
Possibili termini locali	Codici per tipo di documento
Nota della clinica del dolore di martedì del Dr. Smith	Nota paziente ambulatoriale clinica del dolore
Albuquerque VA Medicina Generale nota di consulta	Nota di consulenza di medicina generale interna

Le regole per la denominazione in questa Document Ontology si applicano principalmente alle “note cliniche”. Ai fini di questa Guida Utente, una nota clinica è un documento clinico (come definito dallo standard HL7 CDA), per il quale dei professionisti clinici e apprendisti hanno prodotto il documento, o spontaneamente (es., Io scrivo la mia nota di ammissione) o come risposta ad una richiesta di consultazione. “Note cliniche” offre una descrizione migliore di questo processo.

Si devono distinguere le “Note cliniche” da referti relativi al paziente come ad es., referti di radiologia, di patologia, di laboratorio, di cateterizzazione cardiaca, ecc., i quali sono generati in risposta ad un ordine per una procedura specifica. I nomi della maggior parte di questi ultimi concetti soddisfano le esigenze della struttura di denominazione clinica di LOINC, e molti codici di questo genere esistono già all'interno del database LOINC.

Dobbiamo anche sottolineare che i nomi costruiti in LOINC sono basati sul contenuto informativo previsto nel documento, piuttosto che il formato di documento. Vale a dire che lo stesso codice LOINC sarebbe utilizzato per rappresentare un determinato tipo di documento indipendentemente dal fatto che fosse in PDF, documenti di testo, JPG, XML, o HTML - se il contenuto delle informazioni contenute in tali documenti fossero gli stessi.

6.2 Rapporti con altri standard

6.2.1 HL7

HL7 utilizzerà i codici LOINC per i codici dei documenti clinici, e non svilupperà un sistema di codifica documentale indipendente per i documenti clinici. A sua discrezione, HL7 può scegliere di limitare il suo dominio ad un sottoinsieme di codici LOINC.

²⁹ Frazier P, Rossi-Mori A, Dolin RH, Alschuler L, Huff SM. The creation of an ontology of clinical document names. Stud Health Technol Inform. 2001;84(Pt1):94-8. [PubMed: 11604713].

Il dominio del codice per tipo di documento HL7 si sovrapporrà con concetti simili trovati in HL7 V2.x (tabella di tipi documento 0270; tabella definita utente 0496 Tipi Consenso). Il nostro approccio per la gestione di questa sovrapposizione è:

- Creare una mappatura dai codici LOINC ai codici documentali HL7 V2.x
- Continuare a sviluppare i codici LOINC per andare incontro ai bisogni del dominio HL7 V3 che non sono presenti nella tabella HL7 V2.x.

6.3 Elementi dei codici Tipo di Documento

In ciò che segue, la sinonimia o i termini equivalenti sono designati tramite parentesi. I codici documentali sono definiti a secondo delle loro parti componenti. La prima lista di valori dell'asse fu pubblicata nel 2003, e servì come base per un set iniziale di codici LOINC.

Attraverso sia l'analisi empirica e la revisione da parte di esperti, abbiamo continuato a valutare e raffinare questa lista. L'elencazione che segue contiene gli attuali set di valori di asse per gli elementi dei codici per tipo di documento che sono stati controllati dal LOINC Committee. *Attualmente, stiamo lavorando attentamente per armonizzare i nostri termini attuali per documenti con questi nuovi valori.*

6.3.1 Tipo di documento

Descrizione: caratterizza la struttura generale del documento a livello macro. I tipi di documento sono differenziati a secondo della necessità di definire intestazioni distintive di documento.

Valori permessi:

Numero Parte	Nome Parte
LP173387-4	Nota amministrativa
LP173388-2	Contro il parere medico, nota
LP173389-0	Accordo
LP173390-8	Certificato
LP173391-6	Certificato di nascita
LP173392-4	Certificato di morte
LP173393-2	Valutazione di incapacità psichica e fisica, certificato
LP267921-7	Certificato di attestazione dell'incontro
LP173394-0	Consenso
LP173395-7	Aborto, consenso
LP173396-5	Anestesia, consenso
LP267939-9	Consenso alla trasfusione di sangue o prodotti sanguigni
LP173397-3	Isterectomia, consenso
LP267417-6	Consenso alla terapia a lungo termine con oppiacei per il dolore
LP173398-1	Donazione organi, consenso
LP173399-9	Procedura, consenso
LP173400-5	Rilascio di consenso informato
LP173401-3	Sterilizzazione, consenso
LP173402-1	Operazione chirurgica, consenso
LP173403-9	Contratto
LP193873-9	Patente di guida
LP173404-7	Tessera di assicurazione sanitaria
LP173405-4	Modulo relativo ad assicurazione sanitaria
LP173406-2	Cartellina clinica, copertina
LP173407-0	Documento legale
LP200113-1	Lettera legale
LP173408-8	Procura
LP248740-5	Nota di autorizzazione medica
LP181089-6	Richiesta
LP181085-4	Prescrizione, richiesta
LP173409-6	Dichiarazione anticipata
LP173410-4	Ordine di non rianimare
LP173411-2	Revocato ordine di non rianimare
LP173412-0	Testamento biologico
LP173413-8	Dichiarazione anticipata revocata
LP200111-5	Checklist
LP267279-0	Checklist di dismissione
LP173414-6	Diagrama

LP173415-3	Schema di processo
LP181112-6	Modulo
LP204180-6	Modulo di segnalazione obbligatoria
LP181116-7	Istruzioni
LP181119-1	Piano di azione
LP173754-5	ADHD, piano di azione
LP173755-2	Anafilassi, piano di azione
LP173756-0	Asma, piano di azione
LP173757-8	Autismo, piano di azione
LP173758-6	Patologie complesse, piano di azione
LP173759-4	Fibrosi cistica, piano di azione
LP173765-1	Diabete di tipo 1, piano di azione
LP173766-9	Diabete di tipo 2, piano di azione
LP173760-2	Malattia cardiaca, piano di azione
LP173761-0	Malattia infiammatoria intestinale, piano di azione
LP173762-8	Sclerosi multipla, piano di azione
LP173763-6	Distrofia muscolare, piano di azione
LP173764-4	Disturbi epilettici, piano di azione
LP173118-3	Istruzioni di dimissione
LP173417-9	Lettera
LP200113-1	Lettera legale
LP204161-6	Lista
LP181534-1	lista di prescrizione
LP173418-7	Nota
LP173419-5	Evento avverso, nota
LP173420-3	Allerta
LP181207-4	Ordine
LP181204-1	Prescrizione
LP181529-1	Prescrizione per cure diagnostiche o specialistiche
LP181530-9	Prescrizione per attrezzature mediche durevoli, allegato
LP181190-2	Prescrizione per occhiali
LP181531-7	Prescrizione per attrezzature mediche o prodotti
LP181532-5	Prescrizione per farmaci
LP181533-3	Prescrizione per riabilitazione
LP181534-1	Lista prescrizioni
LP181231-4	Immagine fotografica
LP173421-1	Referto
LP183503-4	Referto caso
LP183502-6	Report di registrazione

Spiegazioni ulteriori dell'uso di "Nota" in LOINC (es. una nota clinica anche conosciuto come "Documento Clinico") versus "Referto": in LOINC, una Nota è un documento prodotto da medici ospedalieri come parte della cura del paziente e include note scritte per iniziativa di "singoli medici e consulte di clinici". Al contrario, un Referto è generalmente prodotto in risposta a un ordine, ad es., referti di radiologia, patologia, e di catetere cardiaco. Generalmente, non produrremo due diversi codici LOINC per concetti che hanno tutti gli attributi uguali tranne quello Nota e quello Referto. Le richieste per questa coppia di codici (o una richiesta per una nota quando esiste un termine referto o viceversa) saranno valutate caso per caso.

I documenti clinici rispondono a cinque criteri, come definiti in CDA 1.0: integrità, amministrazione, autenticazione, persistenza, e leggibilità umana.

6.3.2 Tipo di Servizio

Descrizione: Caratterizza il tipo di servizio o attività fornito al/per il paziente (o altro tema di servizio) come descritto nella nota. Comuni sottoclassi di servizio possono essere valutazioni, consultazioni e sintesi. La nozione di una sequenza di tempo, es., all'inizio (ricovero ospedaliero) alla fine (dimissione) è inclusa in quest'asse.

Valori Permessi:

Numero Parte	Nome Parte
LP173107-6	Comunicazione
LP173099-5	Conferenza
LP173109-2	Case conference - Conferenza sul caso
LP173110-0	Consulto
LP173111-8	Consulto di conferma
LP173100-1	Terapia

LP173113-4	Terapia di gruppo
LP173112-6	Consulenza individuale
LP173114-2	Firma di uscita giornaliero o a fine turno
LP173115-9	Studio diagnostic
LP173116-7	Test di provocazione per inalazione
LP173117-5	Educazione
LP173120-9	Insegnamento alle dimissioni
LP173121-7	Insegnamento pre-operativo
LP173122-5	Valutazione e gestione
LP173131-6	
LP173123-3	Valutazione annuale
LP173124-1	Valutazione
LP173129-0	Cura
LP310260-7	Gestione della cura
LP173130-8	Intervento di crisi (intervento psicosociale)
LP263715-7	Prevenzione del suicidio
LP173131-6	Disease staging
LP173132-4	Esame di infermità
LP173133-2	Indennizzo previdenza sociale, visita
LP173134-0	Indenizzo e pensione, visita
LP173135-7	VA C&P, visita.acromegalia
LP173136-5	VA C&P, visita.assistenza pensionistica e presenza e/o esame paziente presso domicilio.
LP173137-3	VA C&P, visita.aritmie
LP173138-1	VA C&P, visita.varie arterie &o vene varie
LP173139-9	VA C&P, visita.audio
LP173140-7	VA C&P, visita.ossa
LP173105-0	VA C&P, visita.fratture ossee &o malattie ossee
LP173141-5	VA C&P, visita.cervello &o midollo spinale
LP173142-3	VA C&P, visita.sindrome da fatica cronica
LP173143-1	VA C&P, visita.protocollo lesione da freddo
LP173144-9	VA C&P, visita.nervi cranici
LP173145-6	VA C&P, visita.sindrome di Cushing
LP173146-4	VA C&P, visita.odontoiatrica &o del cavo orale
LP173147-2	VA C&P, visita.diabete mellito
LP173148-0	VA C&P, visita.condizioni varie dell'apparato digerente
LP173149-8	VA C&P, visita.malattia orecchio
LP173150-6	VA C&P, visita.disturbi alimentari e di salute mentale
LP173151-4	VA C&P, visita.malattie endocrine varie
LP173152-2	VA C&P, visita.epilessia &o narcolessia
LP173153-0	VA C&P, visita.ernia esofagea &o iatale
LP173154-8	VA C&P, visita.oculistica
LP173155-5	VA C&P, visita.podologica
LP173156-3	VA C&P, visita.fibromialgia
LP173157-1	VA C&P, visita.medica generale
LP173158-9	VA C&P, visita.genitourinaria
LP173159-7	VA C&P, visita.disabilità in veterani della Guerra del Golfo
LP173160-5	VA C&P, visita.condizioni ginecologiche &o disturbi della mammella
LP173161-3	VA C&P, visita.mano &o pollice &o dita
LP173162-1	VA C&P, visita.cardiologica
LP173163-9	VA C&P, visita.disturbi ematici
LP173164-7	VA C&P, visita.malattia correlata a HIV
LP173165-4	VA C&P, visita.ipertensione
LP173166-2	VA C&P, visita.disabilità nutrizionale &o immunologica &o infettiva
LP173167-0	VA C&P, visita.intestino crasso &o tenue
LP173168-8	VA C&P, visita.articolazioni degli arti
LP173169-6	VA C&P, visita.fegato &o cistifellea &o pancreas
LP173170-4	VA C&P, visita.disturbi linfatici
LP173171-2	VA C&P, visita.disturbi mentali generali
LP173172-0	VA C&P, visita.bocca &o labbra &o lingua
LP173173-8	VA C&P, visita.esame multiplo
LP173174-6	VA C&P, visita.muscoli
LP173175-3	VA C&P, visita.disturbi neurologici vari
LP173176-1	VA C&P, visita.naso &o seni nasali &o laringe &o faringe
LP173177-9	VA C&P, visita.nervi periferici
LP173178-7	VA C&P, visita.valutazione iniziale di disturbo post traumatico da stress
LP173179-5	VA C&P, visita.revisione valutazione di disturbo post traumatico da stress
LP173180-3	VA C&P, visita. prigioniero di guerra, protocollo
LP173181-1	VA C&P, visita.tubercolosi polmonare &o di malattie da microrganismi
LP173182-9	VA C&P, visita.retto &o ano
LP173183-7	VA C&P, visita.residui di amputazioni
LP173184-5	VA C&P, visita.malattie respiratorie varie
LP173185-2	VA C&P, visita.malattie respiratorie interstiziali &o restrittive &o ostruttive
LP173186-0	VA C&P, visita.cicatrici
LP173187-8	VA C&P, visita.olfatto &o di gusto
LP173188-6	VA C&P, visita.malattie della pelle diverse da cicatrici
LP173106-8	VA C&P, visita.sondaggio sociale &o industriale

LP173189-4	VA C&P, visita.colonna vertebrale
LP173190-2	VA C&P, visita.stomaco &o duodeno &o aderenze peritoneali
LP173191-0	VA C&P, visita.malattie della tiroide &o paratiroidi
LP173124-1	Valutazione
LP173123-3	Valutazione annuale
LP173125-8	Stato funzionale, valutazione
LP173204-1	Valutazione iniziale
LP173205-8	Valutazione ricovero
LP173200-9	Admission history and physical
LP173126-6	Valutazione ammissibilità nell'esercito
LP270301-7	Rivalutazione
LP173127-4	Valutazione rischio e screening
LP173128-2	Valutazione rischio caduta
LP204157-4	Valutazione del problema sulla sicurezza
LP173192-8	Valutazione e gestione di un problema specifico
LP173193-6	Valutazione e gestione di anticoagulazione
LP173194-4	Valutazione e gestione di iperlipidemia
LP173195-1	Valutazione e gestione di ipertensione
LP267443-2	Valutazione e gestione dell'esposizione alle radiazioni
LP173197-7	Valutazione e gestione di disassuefazione dal fumo
LP208913-6	Valutazione e gestione dell'indennizzo dei lavoratori
LP269262-4	Gestione del fluido
LP173198-5	Anamnesi e esame obiettivo
LP173199-3	Anamnesi e esame obiettivo annuale
LP173200-9	Anamnesi e esame obiettivo al ricovero ospedaliero
LP173202-5	Anamnesi e esami obiettivo al ricovero per travaglio e parto
LP173201-7	Anamnesi e esame obiettivo comprensivo
LP204160-8	Attrezzature o prodotti medici
LP173206-6	Programma
LP173209-0	Programma di Trattamento
LP173213-2	Progresso
LP173211-6	Restrizione
LP173214-0	Operazione chirurgica
LP173215-7	Valutazione e gestione postoperatoria
LP173216-5	Valutazione e gestione preoperatoria
LP173103-5	Sintesi
LP173218-1	Antepartum, sintesi
LP173221-5	Sintesi dimissioni
LP222264-6	Immunizzazione, sintesi
LP173223-1	Travaglio e parto, sintesi
LP173222-3	Dimissione della madre, sintesi
LP175732-9	Popolazione, sintesi
LP173225-6	Sintesi della morte
LP200117-2	Sintesi degli incontri
LP173224-9	Episodio, sintesi
LP173226-4	Trasferimento, sintesi
LP189614-3	Sintesi della gestione del peso
LP173227-2	Valutazione candidati per trapianto
LP173228-0	Valutazione donatore trapianto
LP173229-8	Visita generale dello stato di salute del bambino
LP173230-6	Test da sforzo
LP263510-2	Immunizzazione
LP204160-8	Attrezzatura medica o prodotto
LP173231-4	Gestione medicinali
LP207306-4	Aministrazione medicinali
LP266264-3	Terapia parenterale
LP173232-2	Riconciliazione medicazione (revisione delle medicazioni prescritte per un paziente al fine di evitare errori con future medicazioni, sovradosaggi ecc.)
LP203673-1	Notificazione
LP203034-6	Notificazione ricovero
LP203035-3	Notificazione dimissioni
LP204130-1	Notificazione visite
LP173233-0	Outreach (Programma/sistema di assistenza per la cura medica svolta in paesi sottosviluppati e del terzo mondo, con relativa donazione di prodotti medici)
LP173234-8	Procedura
LP267418-4	Rianimazione cardiopolmonare
LP269244-2	Procedura sedazione cosciente
LP173235-5	Procedura interventistica
LP173236-3	Procedura in patologia
LP173237-1	Autopsia
LP173238-9	Referral (Mandare un paziente da uno specialista)
LP173240-5	Respite (sistema di provvigione di sollievo per chi si occupa di una persona malata)
LP173104-3	Direzione di Sorveglianza
LP173242-1	Triage

6.3.3 Setting

Descrizione: Setting è una estensione modesta del CMS definizione di massima delle impostazioni che hanno significati ben precisi. Setting non è equivalente alla posizione, che in genere ha più significati definiti a livello locale ed è segnalata in altre parti del messaggio. Setting sarebbe limitato ad una delle seguenti categorie (con alcune estensioni future possibili).

La maggior parte dei nomi di relazione clinica dovrebbe includere un ambiente (almeno al livello più alto) per evitare confusione tra importanti classi di relazioni. Ad esempio, l'Accettazione H & P è di solito considerato come l'Ospedale di accettazione H & P, ma potrebbe essere confuso con la casa di cura H & P, se non si distinguono per il setting. Setting non è un componente necessario del nome.

Valori Permessi:

Numero Parte	Nome Parte
LP173041-7	Ambulanza
LP173042-5	Centro nascita
LP173043-3	Pronto soccorso
LP173065-6	Ospedale
LP173045-8	Unità di terapia intensiva
LP173046-6	Struttura per il ricovero a lungo termine
LP173047-4	Casa di cura e di custodia
LP173048-2	Casa di cura
LP173049-0	Casa di cura specializzata
LP173050-8	Casa di cura non specializzata
LP222061-6	Unità di osservazione
LP173051-6	Paziente ambulatoriale
LP266261-9	Centro cura diurno per adulti
LP173052-4	Centro chirurgico ambulatoriale
LP173053-2	Ufficio
LP173054-0	Ospedale ambulatoriale
LP173055-7	Centro per cure urgenti
LP173056-5	Casa del paziente
LP220237-4	Farmacia
LP248736-3	Sala di risveglio
LP173057-3	Ospedale per riabilitazione
LP173058-1	Telesanità
LP248737-1	Teleimaging
LP173059-9	Incontro telefonico

6.3.4 Subject Matter Domain (SMD) – Dominio di materia in Oggetto.

Descrizione: caratterizza il dominio oggetto di una nota.

Valori Permessi:

Numero Parte	Nome Parte
LP263512-8	Medicina delle tossicodipendenze
LP172912-0	Psichiatria delle tossicodipendenze
LP172915-3	Medicina aerospaziale
LP345051-9	Allergia
LP172918-7	Anestesiologia
LP172981-5	Medicina del dolore
LP248728-0	Medicina del sonno
LP172919-5	Audiologia
LP172923-7	Medicina chiropratica
LP172933-6	Medicina di rianimazione e terapia intensiva
LP172934-4	Odontoiatria
LP172935-1	Dermatologia
LP172924-5	Immunologia dermatologica clinica e di laboratorio
LP172936-9	Dermatologia
LP172987-2	Dermatologia pediatrica
LP172940-1	Medicina di emergenza
LP172957-5	Tossicologia medica
LP172988-0	Medicina di emergenza pediatrica
LP173027-6	Medicina dello sport
LP183499-5	Trauma

LP173035-9	Medicina subacquea e iperbarica
LP172942-7	Etica
LP176905-0	Fisiologia dell'esercizio
LP172943-5	Medicina della famiglia
LP172913-8	Medicina dell'adolescente
LP172947-6	Medicina geriatrica
LP248728-0	Medicina del sonno
LP173027-6	Medicina dello sport
LP172894-0	Medicina legale
LP172944-3	Psichiatria forense
LP172946-8	Medicina generale
LP345043-6	Immunologia
LP172925-2	Immunologia clinica e di laboratorio
LP342846-5	Medicina integrata
LP172911-2	Agopuntura
LP172952-6	Medicina interna
LP172913-8	Medicina dell'adolescente
LP172921-1	Malattie cardiovascolari
LP172927-8	Elettrofisiologia cardiaca clinica
LP269425-7	Insufficienza cardiaca
LP172953-4	Cardiologia interventistica
LP269424-0	Trapianto cardiaco
LP172941-9	Endocrinologia
LP172938-5	Diabetologia
LP173032-6	Tiroidologia
LP172945-0	Gastroenterologia
LP172950-0	Epatologia
LP172947-6	Medicina geriatrica
LP175685-9	Ematologia
LP172951-8	Malattie infettive
LP183500-0	HIV
LP175686-7	Oncologia medica
LP172962-5	Nefrologia
LP173015-1	Malattia polmonare
LP173023-5	Reumatologia
LP248728-0	Medicina del sonno
LP173027-6	Medicina dello sport
LP342846-5	Medicina integrata
LP172911-2	Agopuntura
LP172956-7	Genetica medica
LP172926-0	Genetica biochimica clinica
LP172928-6	Citogenetica clinica
LP172929-4	Genetica clinica
LP172930-2	Genetica molecolare clinica
LP172959-1	Patologia genetica molecolare
LP268361-5	Farmacogenomica
LP172958-3	Salute mentale
LP345044-4	Disordini alimentari
LP173011-0	Psichiatria
LP172912-0	Psichiatria della tossicodipendenza
LP172922-9	Psichiatria del bambino e dell'adolescente
LP172944-3	Psichiatria forense
LP172948-4	Psichiatria geriatrica
LP173013-6	Medicina psicosomatica
LP173012-8	Psicologia
LP248501-1	Psicologia del bambino e dell'adolescente
LP248729-8	Neuropsicologia
LP172960-9	Programma multi- specializzazione
LP345048-5	Medicina aerodigestiva
LP263714-0	Danno cerebrale
LP345049-3	Fossetta e craniofacciale
LP345044-4	Disordini alimentari
LP265794-0	Politrauma
LP172963-3	Chirurgia neurologica
LP345042-8	Chirurgia spinale
LP172964-1	Neurologia
LP263714-0	Danno cerebrale
LP172931-0	Neurofisiologia clinica
LP248726-4	Epilessia
LP172965-8	Invaldità in via di sviluppo in neurologia
LP172898-1	Neurologia con delle qualificazioni speciali nel bambino
LP172981-5	Medicina del dolore
LP248728-0	Medicina del sonno
LP173038-3	Neurologia vascolare
LP172968-2	Medicina nucleare
LP172899-9	Nutrizione e dietetica

LP345044-4	Disordini alimentari
LP269243-4	Medicina dell'obesità
LP172971-6	Ostetrica e ginecologia
LP221284-5	Ginecologia
LP202989-2	Oncologia ginecologica
LP172955-9	Medicina materna e fetale
LP221283-7	Ostetricia
LP173020-1	Endocrinologia riproduttiva e infertilità
LP172973-2	Terapia occupazionale
LP172901-3	Oncologia
LP202989-2	Oncologia ginecologica
LP175686-7	Oncologia medica
LP172991-4	Ematologia-oncologia pediatrica
LP173016-9	Oncologia radiologica
LP207940-0	Oncologia chirurgica
LP172974-0	Oftalmologia
LP172975-7	Optometria
LP172902-1	Chirurgia orale e maxillo-facciale
LP172978-1	Chirurgia ortopedica
LP172977-3	Medicina sportiva ortopedica
LP345042-8	Chirurgia spinale
LP173029-2	Chirurgia della mano
LP172979-9	Protesi ortopediche
LP172980-7	Otorinolaringoiatria
LP172967-4	Neurotologia
LP172994-8	Otorinolaringoiatria pediatrica
LP173007-8	Chirurgia plastica all'interno della testa e del collo
LP248728-0	Medicina del sonno
LP172982-3	Cura palliativa
LP172983-1	Cura pastorale
LP172984-9	Patologia
LP208907-8	Patologia anatomica
LP172936-9	Dermatopatologia
LP208906-0	Patologia clinica
LP172920-3	Banca del sangue e medicina trasfusionale
LP208902-9	Patologia clinica
LP172959-1	Patologia genetica molecolare
LP208903-7	Patologia – Microbiologia medica
LP241974-7	Patologia tossicologica
LP173002-9	Pediatria
LP172913-8	Medicina dell'adolescente
LP345048-5	Medicina aerodigestiva
LP172922-9	Psichiatria del bambino e dell'adolescente
LP248501-1	Psicologia del bambino e dell'adolescente
LP172937-7	Pediatria dello sviluppo comportamentale
LP172950-0	Epatologia
LP172957-5	Tossicologia medica
LP172961-7	Medicina perinatale neonatale
LP192135-4	Difetti alla nascita
LP172985-6	Cardiologia pediatrica
LP172986-4	Medicina pediatrica per terapia intensiva
LP172987-2	Dermatologia pediatrica
LP172989-8	Endocrinologia pediatrica
LP172988-0	Medicina pediatrica di emergenza
LP172990-6	Gastroenterologia pediatrica
LP173000-3	Epatologia del trapianto pediatrico
LP172991-4	Ematologia-oncologia pediatrica
LP172992-2	Malattie infettive pediatriche
LP172993-0	Nefrologia pediatrica
LP172994-8	Otorinolaringoiatria pediatrica
LP172995-5	Pneumologia pediatrica
LP172996-3	Radiologia pediatrica
LP172997-1	Medicina riabilitativa pediatrica
LP172998-9	Reumatologia pediatrica
LP172999-7	Chirurgia pediatrica
LP248728-0	Medicina del sonno
LP173027-6	Medicina dello sport
LP173003-7	Farmacologia
LP220238-2	Farmacia clinica
LP268361-5	Farmacogenomica
LP173004-5	Medicina fisica e riabilitazione
LP263714-0	Danno cerebrale
LP172954-2	Chinesiterapia
LP172981-5	Medicina del dolore
LP172997-1	Medicina riabilitativa pediatrica
LP265794-0	Politrauma

LP173026-8	Medicina trauma spina dorsale
LP173040-9	Riabilitazione vocazionale
LP173005-2	Terapia fisica
LP173006-0	Chirurgia plastica
LP268363-1	Trattamento di lesioni, gestione
LP173007-8	Chirurgia plastica per la testa e il collo
LP173029-2	Chirurgia della mano
LP173008-6	Podiatria
LP173009-4	Medicina preventiva
LP172957-5	Tossicologia medica
LP172972-4	Medicina occupazionale
LP173035-9	Medicina subacquea ed iperbarica
LP173010-2	Assistenza di base
LP173014-4	Salute pubblica
LP204156-6	Assistenza sanitaria della comunità
LP267441-6	Salute ambientale
LP173018-5	Radiologia
LP172939-3	Radiologia diagnostica
LP172896-5	Radiologia interventistica
LP172969-0	Radiologia nucleare
LP172996-3	Radiologia pediatrica
LP173016-9	Oncologia radiologica
LP173017-7	Fisica radiologica
LP173037-5	Radiologia vascolare e interventistica
LP173019-3	Terapia ricreazionale
LP173021-9	Ricerca
LP173022-7	Terapia respiratoria
LP173024-3	Assistenza sociale
LP173025-0	Patologia del linguaggio
LP173028-4	Chirurgia
LP248500-3	Chirurgia bariatrica
LP268363-1	Trattamento di lesioni, gestione
LP172932-8	Chirurgia del colon e del retto
LP172999-7	Chirurgia pediatrica
LP265794-0	Politrauma
LP173029-2	Chirurgia della mano
LP173030-0	Chirurgia di cura intensiva
LP207940-0	Oncologia chirurgica
LP173031-8	Chirurgia toracica e cardiaca
LP207300-7	Chirurgia cardiaca
LP173033-4	Chirurgia del trapianto
LP183499-5	Trauma
LP265794-0	Politrauma
LP173039-1	Chirurgia vascolare
LP269976-9	Tromboembolia
LP173034-2	<i>Tumor board</i> (Conferenza multidisciplinare tenuta nei maggiori ospedali statunitensi per discutere meccanismi, modalità di diagnosi e opzioni di cura per pazienti affetti da tumore)
LP173036-7	Urologia
LP173001-1	Urologia pediatrica
LP248732-2	Salute delle donne
LP185997-6	Trattamento di lesioni, gestione

6.3.5 Ruolo

Descrizione:Caratterizza il livello di formazione professionale dell'autore del documento, ma non entra nei dettagli di specialità o di sottospecialità. La categoria “role” rappresenta un alto livello di classificazione che non diventa così dettagliato come la specialità o sub-specialità, questo al fine di evitare una sovrapposizione potenziale con l’asse del dominio che si riferisce all’oggetto di studio.

Valori Permessi:

Numero Parte	Nome Parte
LP173066-4	Assistente
LP269965-2	Medico curante
LP173067-2	Case manager
LP173068-0	Addetto
LP269966-0	Consulente
LP173069-8	Counselor
LP264605-9	Dispositivo
LP269967-8	Specializzando
LP173071-4	Igienista
LP173072-2	Interdisciplinare

LP173073-0	Squadra/equipe
LP203036-1	Team di risposta rapida
LP269968-6	Medico internista
LP173074-8	Assistente medico
LP221282-9	Ostetrica
LP173079-7	Infermiera ostetrica
LP173075-5	Infermiere
LP173076-3	CRNA (certified registered nurse anesthetist) – Infermiere anestesista qualificato
LP173077-1	Assistente infermieristico specializzato
LP173078-9	Infermiere clinico specializzato
LP173079-7	Infermiere ostetrico
LP173080-5	Nurse practitioner (APN) ruolo infermieristico di tipo avanzato, ove all’infermiere è devoluta la responsabilità di pratiche assistenziali un tempo compito esclusivo della professione medica
LP173081-3	Licensed practical nurse - Infermiere professionale
LP173082-1	Registered nurse - Infermiere specializzato
LP173083-9	Paziente
LP181523-4	Farmacista
LP173084-7	Medico
LP269965-2	Physician attending – Medico curante
LP269966-0	Physician consultant – Medico consulente
LP269967-8	Physician fellow – Medico in fase di formazione professionale che può esercitare la funzione di medico curante
LP269968-6	Physician intern – Medico stagista
LP269969-4	Physician resident – Medico specializzando
LP173090-4	Physician assistant - assistente
LP269969-4	Resident - Specializzando
LP269801-9	Assistente sociale
LP173091-2	Studente
LP173092-0	Studente di medicina
LP173093-8	Studente di infermieristica
LP173094-6	Tecnico
LP173095-3	Terapista

* Physician sottintende medici e osteopati.

6.4 Regole per la creazione di note cliniche da componenti multipli

I nomi per le note cliniche obbligatorie vanno costruite scegliendo entry **dall’asse per Tipo di Documento e da almeno uno degli altri quattro assi (vedi le eccezioni di seguito nella Sezione 7.4.1)**. Il LOINC Committee creerà dei codici LOINC per tutte le combinazioni necessarie (non tutte le combinazioni possibili). I termini originali della Document Ontology sono stati creati soltanto per il tipo di documento “Nota” e con la forma generale di scrittura:

<Subject Matter Domain> : <Training / Professional Level>; <Setting>; <Type> : Note
 <Dominio di materia> : <Addestramento / Livello Professionale>; <Setting>; <Tipo> : Nota

Dato che abbiamo revisionato e raffinato gli assi fondamentali della Document Ontology, i nomi semplici vengono creati e ordinati come segue:

Tabella 23: LOINC Document Ontology: Regole per la denominazione						
Component	Proprietà	Tempo	System	Scala	Metodo	Classe
<Tipo di Servizio><Tipo di Documento>	Cerca	Pt	<Setting>	Doc	<SMD>.<Role>	DOC. ONTOLOGY

In generale, le combinazioni all’interno dell’asse sono permesse in un termine a patto che abbiano un senso (in genere, SMD e Service) ma non sono permesse quando non hanno un senso (in genere, Role e Setting). Le combinazioni saranno rappresentate con un segno più (+) per distinguere da elementi che contengono “e” o “&”. Laddove un elemento particolare non risulta definito per un dato termine, lasciando un asse LOINC in bianco, il nome LOINC includerà la convenzione di denominazione { }. Per esempio, se un Setting non viene designato, il System sarà “{Setting}”. Laddove non viene specificato né SMD né ruolo, nel Metodo viene utilizzato {Role} (dalla versione 2.54 di LOINC).

Ai codici LOINC per le note cliniche che sono stati designati secondo questo modello si assegna la classe DOC. ONTOLOGY. Il nome della classe fu cambiato nella versione LOINC 2.50 da DOC. CLINRPT a

DOC.ONTOLOGY, un nome più rappresentativo per tutti i tipi di documenti (non solo referti clinici) inclusi nella LOINC Document Ontology:

Esempi di codici nella LOINC Document Ontology includono:

Tabella 24: Esempi di codici nella LOINC Document Ontology						
Component	Proprietà	Tempo	System	Scala	Metodo	Classe
Nota di consulenza di gruppo	Cerca	Pt	Ospedale	Doc	{ Autore, tipo }	DOC.ONTOLOGY
Nota	Cerca	Pt	Paziente ambulatoriale	Doc	{ Autore, tipo }	DOC.ONTOLOGY
Nota valutazione ricovero ospedaliero	Cerca	Pt	{ setting }	Doc	Medicina generale	DOC.ONTOLOGY
Nota anamnesi e esame obiettivo	Cerca	Pt	{ setting }	Doc	{ Autore, tipo }	DOC.ONTOLOGY

Per ogni termine delle note cliniche che abbiamo creato con gli appositi Setting, SMD, e/o Role, creeremo anche un termine “roll-up” laddove il Setting, SMD e Role non sono specificati, ossia sono definiti come {Setting} e {Role}. Il LOINC Committee ha acconsentito in alcuni casi a non creare un codice del documento generale, incluso:

- 1) Il Componente che contiene soltanto un valore di asse, sia un Tipo di Servizio o un Genere di Documento. Questo codice generico (che non possiede altri attributi) violerebbe la politica attuale che include al Genere di Documento plus almeno un altro valore di asse.
- 2) Il tipo generale del documento clinico potrebbe non esistere più in futuro

Esempi di codici Loinc che non hanno una nota di termini clinica generale includono:

Tabella 25: Esempi di eccezioni di codici LOINC per la creazione di un codice di documento clinico generale						
Component	Proprietà	Tempo	System	Scala	Metodo	Classe
Anestesia consenso	Cerca	Pt	{ setting }	Doc	Paziente	DOC.ONTOLOGY
Donazione organi consenso	Cerca	Pt	{ setting }	Doc	Paziente	DOC.ONTOLOGY
Tessera di assicurazione sanitaria	Cerca	Pt	{ setting }	Doc	Paziente	DOC.ONTOLOGY
Tiage+ nota di cura	Cerca	Pt	Emergenza	Doc	Infermiere	DOC.ONTOLOGY
Richiesta di prescrizione	Cerca	Pt	Farmacia	Doc	Farmacista	DOC.ONTOLOGY

6.4.1 Eccezioni alle regole per la creazione delle note cliniche

Come si è avuto modo di notare precedentemente, la politica vigente per la creazione delle note cliniche è quella di includere nel Genere di Documento più almeno un altro valore di asse. Il LOINC Committee ha acconsentito a realizzare alcune eccezioni alle regole della Document Ontology per i casi in cui solo Genere di Documento viene solitamente designato (es. patente di guida).

Esempi di codici LOINC che sono stati accettati come eccezioni contenenti solo un Genere di Documento:

Tabella 26: Codici LOINC con solo un genere di documento

Component	Proprietà	Tempo	System	Scala	Metodo	Classe
Nota amministrativa	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY
Asma piano d'azione	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY
Certificato di nascita	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY
Report del caso	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY
Certificato di morte	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY
Non rianimare	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY
Patente di guida	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY
Immagine fotografica	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY
Lista di prescrizione	Cerca	Pt	{setting}	Doc	{Role}	DOC. ONTOLOGY

Il LOINC Committee ha anche riconosciuto il bisogno di termini con solo un Genere di documento generale designato (es. Lettera, Nota, Referto). Abbiamo concordato di creare tali termini, tuttavia, avranno uno stato di "discouraged" per avvisare gli utenti. Raccomandiamo, una volta utilizzati questi termini generali, di adottarli in modalità post-coordinata insieme a quella dei termini di LOINC inclusi nel panel di osservazioni della Document Ontology [LOINC: 80582-0] per avere/portare i dettagli dell'attributo dominante.

6.5 Contenuto della Document Ontology nella Distribuzione LOINC

A partire dalla versione LOINC 2.44 (giugno 2013), un file di testo delimitato contenente le relazioni tra termini di documenti clinici (cioè, quelli all'interno della classe DOC. ONTOLOGY) e i loro valori degli assi dell'ontologia associati è disponibile come download separato da <http://loinc.org>. Ai valori degli assi della Document Ontology sono stati assegnati identificatori Parti LOINC e classificati in base al loro asse nella Document Ontology. Questo file definisce le relazioni tra un dato termine LOINC e i suoi valori degli assi nell'ontologia attraverso questi campi: LoincNumber, PartNumber, PartTypeName, PartSequenceOrder, PartName.

Questi campi sono in gran parte auto-esplicativi, ma è da notare che il PartTypeName corrisponde all'asse della Document Ontology, e la PartSequenceOrder è rilevante per i termini che uniscono i valori degli assi all'interno di un asse (vedi paragrafo 7.4).

6.6 Lavori Futuri

Noi proseguiamo con il lavoro attivo di sviluppo e raffinazione dell'asse per tipo di documento. Mentre continuiamo questo lavoro, è nostra intenzione sviluppare dei documenti altrettanto specifici per altri tipi di documenti associati a cure sanitarie.

6.7 Proporre nuovi termini LOINC per documenti

Nuovi codici LOINC per tipi di documenti possono essere proposte con il procedimento descritto nell'Appendice D. In generale, proposte di termini nuovi che contengono combinazioni consentite di valori degli assi esistenti saranno trattate sollecitamente dal personale Regenstrief. Le richieste di titoli di documenti

contenenti nuovi valori degli assi da aggiungere all'ontologia saranno esaminati dal LOINC Committee, e quindi la loro modellazione finale potrebbe richiedere più tempo.

In LOINC, una Nota è un documento generato da un clinico nell'ambito dell'assistenza al paziente e include note scritte su iniziativa di "clinica individuale e consulto clinico". Al contrario, di solito viene generato un Referto in risposta a un ordine, ad es. referto di radiologia, patologia e cateterizzazione cardiaca. In generale, non creeremo due codici LOINC distinti per concetti che hanno tutti gli stessi attributi tranne che uno è una nota e uno è un referto. Le richieste per tali coppie di codici (o una richiesta per una nota quando esiste un termine del rapporto o viceversa) saranno esaminate caso per caso.

7 Panel (Batterie)

A partire dalla versione 1.0, il database LOINC è stato ampliato per includere set/panel. Usiamo la parola “panel” come principale forma di raccolta di termini che contengono collegamenti a un set numerato di

elementi figli distinti. All'interno dei domini, questo concetto generale di collezione potrebbe essere chiamato batteria, forma, data set, etc. La stessa struttura generale del panel in LOINC è utilizzata per presentare tutti questi tipi di collezioni.

7.1 Obiettivi

Abbiamo ricevuto molte richieste per un set standard di codici di ordine per i test da parte di venditori di sistemi informativi medici. Vogliono dei codici standard per gli ordini comuni in modo di poter installare nei propri sistemi un set iniziale usufruibile di codici di ordine. Li vogliono anche per poter attenuare la comunicazione trasversale che si verifica fra gli ospedali.

I codici LOINC sono stati definiti per la maggior parte delle osservazioni individuali di laboratorio e per molte osservazioni cliniche e gli allegati alle domande di rimborso sanitario. Ovviamente, gli stessi codici LOINC possono essere utilizzati per ordinare delle osservazioni cliniche e di laboratorio individuale, e anche per riportare il risultato. Ad esempio, il codice LOINC per emoglobina del sangue (LOINC # 718-7) e può altrettanto facilmente essere usati per ordinare un test per emoglobina del sangue nonché i risultati dello stesso test. Nei messaggi HL7, il campo in cui il codice è utilizzato indica il suo ruolo come un ordine (es. OBR-4) o osservazione del risultato (OBX-3).

Allo stesso modo, i codici LOINC pre-esistenti potrebbero essere usati per ordinare delle osservazione più complesse. Il codice LOINC utilizzato per ordinare la clearance della creatinina urinaria (LOINC: 2164-2) implica in realtà un ordine per due distinte misure (creatinina sierica e creatinina nelle urine delle 24 ore) che vengono utilizzate per calcolare la clearance della creatinina.

Tuttavia, i codici LOINC esistenti con valore singolo non potrebbero essere usati per ordinare molte procedure cliniche e di laboratorio le quali vengono ordinate come test con nome singolo (batteria), come ad es., CBC, strisce reattive per l'urina, conta differenziale del sangue, isoenzime LDH. In modo simile, i medici ordinano delle misurazioni della pressione arteriosa e si aspettano di ricevere (almeno) risultati per la pressione diastolica e la pressione sistolica. Nonostante esse siano delle osservazioni separate, ai fini pratici non si misura mai l'una senza misurare anche l'altra.

Inizialmente, abbiamo creato i codici LOINC per i comuni pacchetti "fissi" delle osservazioni. Con fissi, intendiamo dire che certi tipi di misura faranno sempre parte della batteria, e che la produzione di quel set particolare di misure è strettamente collegata alla procedura o lo strumento che produce i valori e/o tramite mandato governativo (es., LOINC: 24325-3; Funzione epatica HCFA 2000 panel).

Nel tempo, il nostro approccio alla costruzione di panel per altre collezioni di osservazioni si è evoluto. (Per informazione sull'uso del campo ORDER_OBS del database LOINC per cercare panel che potrebbero esser usati come ordini, vedere paragrafo 10.3).

7.2 Tipi di risultati nei panel

Per comprendere le regole su come LOINC crea i panel e come mappa i vostri panel locali sui panel di LOINC, è importante distinguere tra diversi tipi di "risultati".

7.2.1 Misurazioni o osservazioni primarie

Queste osservazioni riportano importanti risultati misurati e potrebbero indicare la presenza/assenza o la quantità di una sostanza o organismo nel campione. Per esempio, nel panel di elettroliti, quantità misurate di sodio, potassio, cloruro e bicarbonato sarebbero le misurazioni primarie.

7.2.2 Osservazioni derivate

Queste osservazioni sono derivate da operazioni matematiche o logiche sulle misurazioni primarie. Per esempio, nel panel di elettroliti, il gap anionico è una misura derivata che è calcolata con la sottrazione delle concentrazioni di cloruro e bicarbonato (anioni) dalla concentrazione di sodio e potassio (cationi).

7.2.3 Richieste Ask at order entry (AOE) e altre osservazioni associate

Queste osservazioni sono ottenute da un richiedente come parte dell'ordine del test e generalmente vengono consegnate allo stesso come parte del risultato. Per esempio, la concentrazione di ossigeno inspirato è sempre una richiesta AOE di misurazioni di gas sanguigno. Allo stesso modo, la data del periodo mestruale è una richiesta AOE per i pap test.

Altri tipi di osservazione vengono trattati operativamente in modo simile, sebbene possano non essere "richieste" nel senso letterale del termine. Per esempio, il volume e i tempi (inizio, stop, durata) della raccolta delle urine spesso vengono inviati insieme all'ordine e rimandati indietro con i risultati. Chiamiamo queste circostanze "osservazioni associate" e le consideriamo come AOE ai fini di questa discussione.

7.2.4 Impressioni, interpretazioni e commenti

LOINC definisce impressione/interpretazione come un'affermazione sintetica sulle osservazioni multiple. Questo tipo di osservazioni di sintesi è spesso inclusa nella raccolta dei risultati che sono consegnati al richiedente. (Questi termini di osservazione di sintesi in LOINC hanno la Proprietà "Imp" che sta per impressione).

Consideriamo comunque che le decisioni sui risultati del test che si trovano al di fuori del livello normale sono riportate in modo migliore con il campo del Codice d'interpretazione (comunemente ci si riferisce come "Flag di anomalia") della struttura HL7 OBX e non come osservazione interpretazione separata.

7.3 Regole LOINC per la rappresentazione dei nomi dei Panel

Principalmente usiamo le stesse regole generali LOINC per la denominazione delle batterie di Osservazioni (panel) che usiamo per le osservazioni singole. Qui descriviamo alcune delle principali caratteristiche uniche dei nomi dei panel.

7.3.1 Component

Se l'autorità governativa riconosce il panel o il set dell'ordine, chiameremo questi panel con l'anno in cui questo riconoscimento è diventato effettivo. Per esempio, LOINC include "Comprehensive metabolic 2000 panel".

Per i panel che consistono in tre o più test costituenti, il nome del componente sarà una concatenazione di:

- (1) Un nome (es., Emogramma/Emocromo, Conta differenziale, Segni Vitali) per indicare il contenuto del "Panel"
- (2) La parola "Panel" per poter specificare, in modo non ambiguo, che questo termine LOINC si riferisce ad un panel o batteria.

Nel caso in cui esiste un panel ben definito che non ha un nome convenzionale, includeremo ciascuna delle entità misurate, separate da (&) nel nome del componente. Potremmo anche usare una sintassi più efficiente che implica la ripetizione della prima parte del nome, es., Clamidiale Ab IgM & IgG Panel.

In generale, LOINC crea codici differenti per i panel che contengono test di riflesso rispetto a quelli che non li hanno. Questi panel includeranno "riflesso" nel nome del componente, e l'approccio generale è quello di denominare il panel di base e il tipo/i di test o panel di test eseguiti come un "riflesso" nel nome del panel. Il/I test di riflesso possono essere singoli, un gruppo di test o un panel di test.

7.3.2 Property e Scale

Dal momento che la Proprietà tipicamente varia tra gli elementi del panel, la Proprietà (i.e. la seconda parte del nome LOINC) per il panel del termine potrebbe avere un trattino (-). Allo stesso modo, la Scala (quinta parte del nome LOINC) potrebbe avere un trattino (-) se gli elementi del panel contengono Scale differenti.

7.3.3. Misurazione del Tempo e System

Poiché queste parti del nome LOINC sono tipicamente consistenti tra le misure primarie del panel, Aspetto del Tempo e System del nome di un panel sono solitamente specificati con le stesse regole che vengono applicate per i termini di osservazione.

7.3.4 Alcuni esempi di Panel LOINC (Nomi del set d'Ordine):

I seguenti sono alcuni degli esempi di Panel LOINC (Nomi del set d'Ordine)

Tabella 27: Esempi di nomi Panel LOINC (Nomi del set d'Ordine)		
LOINC_NUM	Nome LOINC interamente specificato	Descrizione
24358-4	Panel emocromo:-:Pt:Bld:Qn	HCT & HGB & WBC & RBC & Indici
24359-2	Panel Emocromo & differenziale :-:Pt:Bld:Qn	Emocromo & Conta differenziale
24317-0	Panel Emocromo & piastrine:-:Pt:Bld:Qn	HCT & HGB & WBC & RBC & Indice & Piastrine
24338-6	Panel Gas:-:Pt:Bld:Qn	pH & PO2 & PCO2 nel sangue senza specificare se arterioso, venoso o altra fonte. Il referto di solito include un'osservazione circa lo O2 inspirato inviato insieme con la relazione. Può includere una varietà di altre caratteristiche relative al paziente inviate tramite la richiesta e una varietà di variabili calcolate.
24336-0	Panel Gas:-:Pt:BldA: Qn	pH & PO2 & PCO2 nel sangue arterioso. Il referto di solito contiene un'osservazione circa lo O2 inspirato inviato insieme con la relazione. Può includere una varietà di altre caratteristiche relative al paziente inviate tramite la richiesta e una varietà di variabili calcolate.
24339-4	Panel Gas:-:Pt:BldV:Qn	pH & PO2 & PCO2 nel sangue venoso. Il referto di solito contiene un'osservazione circa lo O2 inspirato inviato insieme con la relazione. Può includere una varietà di altre caratteristiche relative al paziente inviate tramite la richiesta e una varietà di variabili calcolate.
29274-8	Misurazione parametri vitali:Cerca:Pt:Patient^Multi	Pressione diastolica & Pressione sistolica & Frequenza del polso & Frequenza respiratoria
24357-6	Panel analisi urine strisce reattive:-:Pt:Urine:-	Risultati analisi delle urine eseguite mediante striscia reattiva. Di solito include Glucosio, Bilirubina, Conta leucocitaria, Conta eritrociti, conta dei batteri, Ph, Peso specifico. Ma non viene fatta distinzione circa i set di misurazione delle strisce reattive. L'ordine clinico non necessariamente conosce quale particolare striscia reattiva sarà utilizzata e non è in grado o interessato a fare queste distinzioni.
29576-6	Panel test suscettibilità ai batteri:-:Pt:Isolato:OrdQn	Dovrebbe includere i risultati di suscettibilità per gli antibiotici pertinenti agli isolati e al tipo di coltura.

7.4 Rappresentazione della condizionalità

All'interno della struttura del panel di LOINC, possiamo definire un attributo per ogni elemento del panel che denota la necessità o meno di essere presente nel panel quando viene presentato. Le misurazioni primarie sono sempre richieste, ma gli altri elementi del panel potrebbero presentare diversi tipi di condizionalità.

L'attributo di condizionalità è visibile nelle pagine più dettagliate per i termini del panel sotto la colonna "R/O/C" e memorizzato nel campo dell' "ObservationRequiredInPanel" dei panel LOINC e forms file (disponibili per il download dal sito web di LOINC).

Con la versione 2.48 del database di LOINC, le scelte sulla condizionalità erano limitate a R (Richiesto), O (Opzionale) e C (Condizionale). Esempi di semplici set di ordine con termini sia in R che in O:

Tabella 28: Esempi di order sets						
24358-4	Panel di piastrine Emogramma WO	-	Pt	Sangue	Qn	R/O/C
26464-8	Leucociti	NCnc	Pt	Sangue	Qn	R
26453-1	Eritrociti	NCnc	Pt	Sangue	Qn	R
718-7	Emoglobina	MCnc	Pt	Sangue	Qn	R
20570-8	Ematocrito	VFr	Pt	Sangue	Qn	R
30428-7	Volume corpuscolare medio	EntVol		RBC		R
28539-5	Eritrociti emoglobina corpuscolare media	EntVol	Pt	RBC	Qn	R
38540-3	Eritrociti concentrazione media di emoglobina	EntMass	Pt	RBC	Qn	R
30384-2	Ampiezza della distribuzione eritrocitaria	EntVol	Pt	RBC	Qn	O
30385-9	Ampiezza della distribuzione eritrocitaria	Ratio	Pt	RBC	Qn	O
24326-1	Panel elettroliti 1998	-	Pt	Siero/Plasma	Qn	R/O/C
2028-9	Biossido di carbonio	SCnc	Pt	Siero/Plasma	Qn	R
2075-0	Cloruro	SCnc	Pt	Siero/Plasma	Qn	R
2823-3	Potassio	SCnc	Pt	Siero/Plasma	Qn	R
2951-2	Sodio	SCnc	Pt	Siero/Plasma	Qn	R
33037-3	Gap Anionico	SCnc	Pt	Siero/Plasma	Qn	O

Con la versione 2.50 (Dicembre 2014) abbiamo aumentato le scelte oltre R, O e C, includendo R-a (Richiesto con alternativa), Rflx (Riflesso) e Rflx-a (Riflesso con alternativa). Questa disposizione di scelte ha facilitato i test di riflesso, casi in cui più di un test possono essere usati per soddisfare una precisa richiesta del panel, e focalizzato l'uso di C (che era già stato usato come un "prendi-tutto" per molti tipi).

La tabella 29 descrive il set ingrandito delle scelta sulla condizionalità.

Tabella 29: Opzioni per termini sulla condizionalità all'interno dei Panel		
Codice	Significato	Discussione/ Definizione
R	Richiesto	Indicache il test deve essere incluso.
R-a	Richiesto con alternative	<p>Significa richiesto, ma che ha alternative. Le alternative saranno comunemente accoppiate ed entrambe contrassegnate con il codice R-a. I risultati per almeno uno della coppia devono essere inclusi nel panel per rispondere alla condizione richiesta, ma entrambi possono essere inclusi. La C, condizionale, è stata utilizzata per affrontare questi casi in passato.</p> <p>La regola dell'accoppiamento delle alternative per un obiettivo dato sarà descritto in forma discorsiva nella descrizione del panel dal momento che la stessa regola sarà applicata a diversi accoppiamenti nel panel. Per esempio, il panel LA include molte delle misure di coagulazione e quasi tutte possono essere riportate come un tempo attuale e/o fattore del tempo del paziente al tempo normale. Misure della stessa funzione di coagulazione, che si differenziano solo per la modalità in cui sono riportate, sarebbero considerate delle alternative accoppiate in questo panel. Regole più specifiche per l'accoppiamento potrebbero essere anche imposte nel campo "condizione per inclusione" associato a ogni elemento nel panel.</p>
C	Condizionale	Significa che lo stato richiesto di una variabile specifica dipende da altri fattori, ma questo risultava eccessivo per una categoria di scarto, perciò abbiamo aggiunto alcune nuove categorie

		per specificare cosa era stato comunemente raggruppato come condizionale.
O	Opzionale	Significa che la variabile può essere inclusa o no, ma che lo sia o non lo sia non ha rilevanza sul fatto che un certo set di risultati rappresenti uno specifico panel. I semplici calcoli derivati da altre misurazioni riportate e richieste AOE sono quasi sempre opzionali.
Rflx	Riflesso	Significa che questo test verrà incluso nel panel solo se soddisfa una condizione di riflesso basata su altri risultati nel panel. Anche questi casi erano stati in passato raggruppati sotto un codice condizione. In generale, non definiremo delle regole specifiche per il test di riflesso ad eccezione di termini molto generici.
Rflx-a	Riflesso con alternative	Significa che il test è un riflesso, ma che un altro test all'interno del panel può servire come alternativa e ciascuno o entrambi questi test di riflesso possono essere riportati. Ma se si trova la condizione di riflesso, almeno uno della coppia alternativa deve essere inclusa. Come per il caso di R-a, il test accoppiato come un'alternativa verrà definito in forma discorsiva dalla descrizione nel campo del panel della condizione per inclusione.

Se più di una misurazione può servire come primaria, allora entrambe potranno essere richieste con alternative (R-a), e il criterio è che almeno una di loro deve essere presente. Un esempio sarebbe la conta assoluta di neutrofili versus la percentuale della conta totale bianca di neutrofili nella conta del sangue differenziale- se uno è assente, l'altro deve essere presente (ovviamente sono entrambi spesso riportati).

Il criterio o la spiegazione per i casi in cui i test con R-a, Rflx e Rflx-a dovrebbero essere inclusi nei risultati di un panel in particolare, possono essere visti sulla pagine dei dettagli comprensivi disponibili all'interno di RELMA e sulla funzione di ricerca LOINC (search.loinc.org).

Si noti che la condizionalità assegnata al termine è panel specifico. In altre parole, un test specifico può essere richiesto in un contesto e opzionale in un altro, e questo è il motivo per cui sia la condizionalità che il criterio per l'inclusione appaiono soltanto nei dettagli del panel e non nei dettagli del termine individuale.

Dovremmo essere consapevoli che LOINC include molti panel senza che lo stato richiesto sia stato contrassegnato e che lo stato condizionale non sia stato adoperato in ogni punto in cui potrebbe essere osservato, e che molti termini segnati come condizionali secondo un modello precedente probabilmente sarebbero categorizzati meglio come richiesti con alternative, riflessi, o riflessi con alternativa. (Abbiamo ancora del lavoro da fare sullo sviluppo di LOINC).

7.4.1 Test sul lupus anticoagulante (LA) come esempio di condizionalità complessa

Descriviamo qui il test sul lupus anticoagulante (LA) come prototipo per illustrare l'uso della condizionalità. Il fulcro del test sul lupus anticoagulante (LA) consiste in un processo a tre fasi con l'uso di una misura specifica di coagulazione, come per esempio dRVVT. La prima è uno screening che determina se esiste un'anomalia della coagulazione. La seconda è uno studio di miscelazione in cui il campione del paziente è combinato con il plasma normale pooled (PNP) e lo stesso test (es. dRVVT) è rerun. Questo secondo test viene usato per valutare se il problema della coagulazione è dovuto a un fattore di deficit della coagulazione, come accade nell'Emofilia. Il terzo è una ripetizione dello stesso test (es. dRVVT) misto con l'eccesso di fosfolipidi- anche chiamato test di conferma. Si dice che c'è lupus anticoagulante quando l'aggiunta di eccesso dei fosfolipidi normalizza il risultato.

Esistono diverse variazioni negli algoritmi dei test su LA all'interno dei laboratori, alcuni dei quali eseguono la conferma del secondo test e il test studio di miscelazione (se necessario). La Società Internazionale della Trombosi ed Emostasi (The International Society of Thrombosis and Haemostasis (ISTH)) raccomanda l'utilizzo dei due test sulla coagulazione: dRVVT e aPTT-LA (lupus sensitive), entrambi reflexing to studio

di conferma e/o miscelazione. Tuttavia, almeno due laboratori utilizzano i tre test screening , aggiungendo PT al dRVVT e aPTT-LA, reflex to mixing and confirm studies from these, e aggiungono un test di riflesso ulteriore, incluso il tempo di trombina e da questo un riflesso per il tempo di reptilassi. Ci sono anche delle variazioni sulla modalità in cui vengono riportati i risultati, es. come i tempi di coagulazione effettivi e/o le ratio del tempo effettivo al tempo normale. E alcuni laboratori definiscono la tipologia dei fosfolipidi che utilizzano per lo studio di conferma, i.e. fosfolipidi derivati esagonali o piastrinici.

Il panel di LA per i tre test di screening, presentati di seguito, mostrano una serie di problematiche associate alla condizionalità sopra descritta. Tutti i tre test di screening (dRVVT, aPTT e PT) vengono richiesti ma possono essere anche riportati come risultato effettivo o effettivo/normale, per cui a tutti i sei termini è assegnata la condizionalità R-a. I test di conferma e di miscelazione, così come il tempo di trombina e tempo di reptilassi, are only run can also be report as actual or actual/normal; therefore, all of these terms are assigned Rflx-a. La correzione percentuale di dRVVT e aPTT e lo screening per confermare la ratio potrebbe non essere riportata da tutti i laboratori e perciò avere uno stato O. Infine , l'interpretazione generale deve essere riportata e così viene assegnato R.

75881-3 Lupus anticoagulant aPTT & dRVVT & PT screening panel W Reflex

PANEL HIERARCHY

LOINC#	LOINC Name	R/O/C	Cardinality	Data Type	Ex. UCUM Units
75881-3	Lupus anticoagulant aPTT & dRVVT & PT screening panel W Reflex				
6303-2	dRVVT (LA screen)	R-a			s
13359-3	dRVVT actual/normal (normalized LA screen)	R-a			%
75513-2	dRVVT with 1:1 PNP (LA mix)	Rflx-a			s
75512-4	dRVVT with 1:1 PNP actual/normal (normalized LA mix)	Rflx-a			%
57838-5	dRVVT W excess phospholipid (LA confirm)	Rflx-a			s
68916-6	dRVVT W excess phospholipid actual/normal (normalized LA confirm)	Rflx-a			%
75511-6	dRVVT W excess phospholipid percent correction	O			%
50410-0	dRVVT/dRVVT W excess phospholipid (screen to confirm ratio)	O			
34571-0	aPTT.lupus sensitive (LA screen)	R-a			s
48022-8	aPTT.lupus sensitive actual/normal (normalized LA screen)	R-a			
75510-8	aPTT.lupus sensitive with 1:1 PNP (LA mix)	Rflx-a			s
75509-0	aPTT.lupus sensitive with 1:1 PNP actual/Normal (normalized LA mix)	Rflx-a			%
75506-6	aPTT.lupus sensitive W excess phospholipid (LA confirm)	Rflx-a			s
75508-2	aPTT.lupus sensitive W excess phospholipid actual/Normal (normalized LA confirm)	Rflx-a			%
75884-7	aPTT.lupus sensitive/aPTT.lupus sensitive W excess phospholipid (screen O to confirm ratio)				{Ratio}
75507-4	aPTT.lupus sensitive W excess phospholipid percent correction	O			%
5902-2	Prothrombin time (PT)	R-a			s
5894-1	Prothrombin time (PT) actual/Normal	R-a			%
3243-3	Thrombin time	Rflx-a			s
68323-0	Thrombin time actual/Normal	Rflx-a			%
6683-7	Reptilase time	Rflx-a			s
68326-8	Reptilase time actual/Normal	Rflx-a			%
75882-1	Lupus anticoagulant three screening tests W Reflex [interpretation]	R			

Figura 1. Pagina dettagli per il panel dei tre test di screening sul lupus anticoagulante

7.5. Approccio alla creazione e definizione di panel distinti in LOINC

7.5.1 Approccio generale

Le caratteristiche descrittive di un panel dei termini LOINC includono una serie numerata di elementi figli e la condizionalità di questi ultimi. In questo modo gli utenti devono prestare molta attenzione alla struttura completa del panel per sapere se è una rappresentazione adeguata del loro panel locale.

Quando LOINC definisce un panel, esso andrà ad includere tutte le sue misurazioni/osservazioni primarie (identificate come richieste) e anche le osservazioni derivate comunemente riportate (identificate come opzionali). Nel momento in cui i laboratori riportano un'interpretazione all'interno di molte osservazioni in un

panel, come ad esempio la conta differenziale o l' elettroforesi sierica, il panel LOINC includerà un'interpretazione del termine specifico a quel panel (identificata come opzionale). Allo stesso modo, il panel conterrà anche le variabili AOE tipicamente incluse e altre osservazioni associate (identificate come opzionali).

LOINC non definirà panel differenti per collezioni differenti che variano soltanto in base ad elementi opzionali (che ci sia o meno un'interpretazione, un calcolo derivato aggiuntivo, variabili inviate insieme alle richieste, ecc.). Di conseguenza, gli utenti possono combinare i loro panel locali ai panel di LOINC sia che i loro risultati riportati includano o meno quegli elementi opzionali.

Durante gli ultimi anni, prima della versione LOINC 2.56, la quantità delle richieste per i termini di panel è in costante crescita. Allo stesso tempo, i metodi moderni dei laboratori hanno portato alla creazione di kit da laboratorio che potrebbero essere personalizzati dall'utente finale in termini di test individuali che sono stati eseguiti(run). Ad esempio, se un kit contiene dieci dosaggi diversi, un ospedale potrebbe eseguirne sei mentre un altro potrebbe eseguirli tutti e dieci. Inoltre, ogni versione del kit potenzialmente potrebbe presentare diverse combinazioni di test. Molte delle nostre richieste hanno riguardato i panel che si differenziano solo in maniera ridotta dai panel esistenti, e questo in parte è dovuto alle differenze nell'attuazione del kit sopracitato. In una prospettiva futura sembra, ad oggi, poco possibile realizzare un unico panel per ogni ospedale, laboratorio o test kit. Così, durante l'incontro di Giugno 2016, il Laboratory LOINC Committee ha disposto le seguenti regole di pianificazione per le nuove richieste di panel:

7.5.1.1 Panel per test kits

Creeremo dei panel generici per i gruppi di test che non sono specifici per un manufacturer in particolare o per un test kit, ma d'altra parte sono specifici per ciò che riguarda il metodo e il system. Questi panel non avranno la condizionalità o la cardinalità specificata. Nel momento in cui i test kits miglioreranno in futuro, altri elementi complementari potrebbero essere aggiunti, ma nessuno verrà eliminato ad eccezione di alcune situazioni limitate. Esempi di questi panel sono:

79381-0 Panel di patogenie gastrointestinali– Feci con sonda e metodo di amplificazione target

82180-1 Panel di patogenie Meningite+Encefalite – Amplificazione target con una rivelazione basata senza sonda del liquido spinale cerebrale

7.5.1.2 Panel per i laboratori unici e/o presidi unici ospedalieri

In linea generale, non creeremo dei panel per ogni ospedale o laboratorio basati unicamente sulla loro combinazione degli elementi. Tuttavia, realizzeremo dei panel nel momento in cui molti ospedali e/o laboratori usano lo stesso numero di elementi.

7.5.1.3 Fully Specified Panel

Realizzeremo pannelli con dettagli di condizionalità e cardinalità nei casi in cui esiste una linea guida specifica o uno standard di cura, come gli esempi del panel di screening anticoagulante del lupus di cui sopra.

7.5.2 Preferenza per le definizioni dei panel senza l'utilizzo di un metodo

In molte situazioni LOINC non formerà panel di termini diversi per uno stesso insieme di test eseguiti attraverso metodi differenti. Dal momento che è possibile una mescolanza di metodi all'interno di un panel, rappresentare tutte queste differenze provocherebbe un 'esplosione del panel diverso, che, comunemente, sarebbe un onere per l'ordering provider. Inoltre, dato un contesto particolare l' ordering provider può soltanto ordinare dei metodi previsti per la sua procedura abituale. "Consegnami la batteria realizzata con i metodi abituali" è incluso nell'ordine. La nostra tendenza è, quindi, quella di creare panel con elementi figli che non prevedono un metodo.

Tuttavia, in alcune circostanze particolari, creiamo dei panel per osservazioni con metodo specifico. Ad esempio, disponiamo di diversi panel per lo screening e metodi di conferma. In questi casi, la specificazione del metodo è quello di definire la caratteristica del panel.

7.5.3 Casi particolari in cui l'enumerazione dei sottoelementi non è funzionale

Ci sono casi in cui LOINC potrebbe definire un termine di panel attraverso una definizione descrittiva perché non risulta adatto per numerare al completo tutti i possibili elementi figli e la loro condizionalità.

Ad esempio, la salute pubblica, veterinaria, e altri laboratori che addebitano alcunché a Medicare o Medicaid per i test che eseguono, non sono vincolati da regole che penalizzano i laboratori nell'esecuzione e nell'addebitamento di test che il medico non ha richiesto esplicitamente. Ciò facilita leggermente la creazione dei panel di ordine.

Per quanto riguarda la salute pubblica, i test eseguiti dai laboratori in seguito a una richiesta possono essere selezionati da una lista di molti possibili test, basandosi sulle informazioni fornite dal richiedente, e dal giudizio del laboratorio. Ad esempio, CDC è "Campylobacter, Helicobacter and related organisms identification and subtyping" (CDC-10127) l'ordine può includere dei test che specificano il fenotipo, il genotipo, sierotipo, PFGE, o AST, e potrebbe adoperare delle procedure multiple per ognuno di questi.

8. Regole in via di definizione per la denominazione delle collezioni

8.1 Obiettivi e approccio generale

Attualmente, siamo nella fase di elaborazione del nostro modello per la denominazione delle collezioni in LOINC. I nostri obiettivi nel raffinare questo metodo sono:

- Di creare nomi che siano coerenti tra diversi domini oggetto all'interno di LOINC.
- Di rendere facile la creazione di una lista per tutti i codici che potrebbero essere usati come tipo di documento in CDA.
- Di rendere facile la creazione di una lista di tutti i codici che potrebbero essere usati come intestazione di sezione in CDA.
- Di evitare la proliferazione di nomi.

A tal fine, stiamo sviluppando delle regole per la denominazione delle collezioni che si applicheranno ad entrambe le collezioni di laboratorio (CBC, CHEM7) collezioni cliniche strutturate e codificate (Segni Vitali), documenti (anamnesi e esame obiettivo all'ammissione) Apgar's score, Braden's Scala, Pain Scalas, ecc.

Ci saranno due categorie di nomi per le collezioni:

- Nomi per panel con contenuti discreti numerati, e
- Nomi per collezioni generali di informazioni.

Utilizzando i meccanismi esistenti dei panel, il database LOINC registrerà l'associazione fra le collezioni LOINC e osservazioni individuali dove queste ultime risultano conosciute. Per esempio, LOINC registra già i contenuti attesi per CBC, Enzimi del Fegato, ecc. Includerà anche delle definizioni per Segni Vitali, Cateterizzazione Cadiaca, Braden Scala, Indagini, ecc. Creeremo un singolo codice LOINC per eventuali collezioni di informazioni in cui il contenuto di informazioni è lo stesso, senza tener conto se il contenuto è in forma di documento di testo, un'immagine scansionata, o un file audio delle stesse informazioni.

Poiché le collezioni vengono denominate secondo i loro contenuti reali o previsti, lo stesso codice LOINC potrebbe essere usato o come tipo di documento o come tipo di sezione.

8.2. Collezioni come ordini e osservazioni

Lo stesso codice LOINC sarà usato per ordinare una procedura, denominare un documento prodotto come descrizione della procedura, o denominare il set strutturato e codificato delle osservazioni che risultano dalla procedura.

Per i panel, lo stesso codice per CBC andrebbe usato per l'elemento ordinato in un messaggio o documento registrato di richiesta, e come identificatore di panel nel segmento OBR del documento o messaggio di risultato. La stessa forma sarebbe adoperata per procedure cliniche e di laboratorio.

Per collezioni generali, lo stesso codice sarebbe usato come elemento ordinato in un documento o messaggio di referto, nonché come identificatore del risultato nel messaggio di risultato. Per esempio, il nome della collezione generale potrebbe essere usato come identificatore del tipo di documento in un messaggio di risultato, come etichetta di sezione, come identificatore universale in un segmento OBR, o come identificatore in un segmento OBX a secondo delle circostanze. Lo stesso disegno sarebbe adoperato per procedure cliniche e di radiologia.

Non stiamo togliendo la flessibilità conferita nell'avere un codice d'ordine diverso da quello del risultato. Per esempio, è spesso auspicabile che il codice d'ordine sia meno specifico e più astratto rispetto al codice di risultato. LOINC conteneva dei codici per una cosa come "Esercizio EKG" con l'aspettativa che il risultato tornasse come "AHA protocol Stress EKG result". Il punto è che, quando è cosa appropriata, useremo lo stesso codice LOINC nei contesti di richieste e di risultati. NON creeremo dei codici LOINC che significavano "CBC richiesta" ("CBC order") e "CBC risultato" ("CBC result") – useremo lo stesso codice LOINC per CBC sia per ordini che per risultati.

La pratica attuale continuerebbe ad applicarsi quando viene ordinata una procedura "pura" con il ritorno di risultati discreti. Per esempio, si potrebbe ordinare un Esame Microscopico delle Urine per vedere una risposta in termini di valori discreti per tipi di cellula, cilindri, materiali amorfi, ecc.

8.3 SCALA LOINC per collezioni

Qualora la Scala per i singoli elementi in un panel vari, il nome del termine del panel stesso sarà un trattino (-). La scala per le raccolte di informazioni generali sarà Doc, abbreviazione di documento, che viene utilizzata nel senso più generale di un documento di testo, un'immagine, un'immagine di un testo digitalizzato, ecc. Stiamo per rivedere il nostro attuale uso di Nar (narrativa) o Nom (nominale) per la raccolta di informazioni generali in alcune parti del database LOINC e per la migrazione verso un uso più ampio di Doc. Abbiamo già apportato tali cambiamenti in alcune aree, ad esempio radiologia e patologia molecolare.

9 Contenuto aggiuntivo nella Distribuzione LOINC

9.1 Attributi aggiuntivi dei termini LOINC

9.1.1 Nomi

Oltre al *Fully Specified Name* (FSN), che si compone delle 5 o 6 parti principali di un termine LOINC concatenate insieme usando il carattere due punti (:) come separatore, ogni termine LOINC ha diversi nomi che sono stati aggiunti nel corso dell'evoluzione di LOINC. Ognuno di questi è stato creato per uno scopo

diverso e attualmente, sono generati automaticamente con interventi manuali in casi speciali. Abbiamo iniziato con lo *Short Name* e il *Long Common Name* nel 2002 e nel 2009, rispettivamente.

Anche dopo aver creato il *Long Common Name*, abbiamo continuato a ricevere periodiche richieste dagli utenti per produrre nomi di visualizzazione "più leggibili" da utilizzare nelle interfacce utente, ecc. Mentre i *Long Common Name* LOINC creati in modo sistematico possono essere garantiti come unici (tranne che per concetti veramente duplicati), a volte non sono i più intuitivi. Ciò vale anche per i nostri *Short Name* LOINC generati automaticamente. Tuttavia, ciò che gli utenti desideravano principalmente erano nomi che tralasciassero alcuni degli attributi che definiscono il termine (ad esempio Proprietà, Scala e campioni "predefiniti" nel System) perché non hanno familiarità con i clinici. Questo è problematico in tutto LOINC perché creerebbe nomi ambigui e duplicati. Per tali motivi, ci siamo sempre aspettati che gli utenti collegassero i loro nomi preferiti locali ai termini LOINC per l'uso in report e visualizzazioni. All'interno di un determinato contesto di sistema locale potrebbe essere possibile risolvere le ambiguità create da nomi che omettono questi attributi. Ad esempio, se la visualizzazione dell'utente mostra sempre le unità di misura riportate, potrebbe non essere necessario avere la proprietà nel nome visualizzato.

Tuttavia, abbiamo continuato a pensare a come poter creare un nome più "familiare" e con l'input della comunità LOINC, abbiamo sviluppato il *Consumer Name* e il *Display Name* come descritto di seguito. Entrambi sono lavori in corso e possono cambiare in modo significativo da una versione all'altra, contenere errori, ecc. Accogliamo con favore il feedback di chiunque abbia implementato o abbia intenzione di implementare questi nomi.

9.1.1.1 *Short Name*

Nell'agosto 2002 abbiamo aggiunto lo *Short Name*, che è un nome breve e con caratteri sia maiuscoli che minuscoli per il concetto LOINC. Tutti i termini LOINC di laboratorio e clinici hanno uno *Short Name*. (Molti termini LOINC del sondaggio NON hanno un *Short Name*). Il nostro obiettivo era quello di produrre nomi non più lunghi di 40 caratteri per adattarli allo spazio assegnato dalla maggior parte dei sistemi di reportistica di laboratorio. A differenza del LOINC FSN, l'uso di maiuscole/minuscole è significativo nello *Short Name* LOINC. Quando possibile, abbiamo usato acronimi e nomi comuni piuttosto che le regole di nome più formali di FSN. Ad esempio, abbiamo usato i nomi inglesi degli allergeni nei nomi abbreviati piuttosto che i nomi delle specie latine formali (in parte perché erano più brevi). Abbiamo usato tutti i caratteri maiuscoli per rappresentare gli acronimi e sia maiuscoli che minuscoli nei nomi degli organismi come specificato nelle convenzioni di denominazione (ad esempio, il genere è in maiuscolo, la specie no). Per i nomi dei virus abbiamo usato l'acronimo assegnato da Index Virum, ove disponibile.

Gli *Short Name* LOINC sono soggetti a modifiche e non devono essere utilizzati come chiavi di identificazione in nessun database.

9.1.1.2 *Long Common Name*

Nel 2009, dopo aver raccolto e rivisto i nomi visualizzati da diverse fonti, abbiamo iniziato a pubblicare il *Long Common Name*. Questi nomi sono anche creati da un processo algoritmico e ne viene controllata l'unicità. La maggior parte delle abbreviazioni e degli acronimi utilizzati nel LOINC FSN sono stati completamente scritti in inglese. Per gli allergeni, vengono usati i nomi inglesi comuni invece dei più formali nomi di specie latini. Per la coagulazione, sono state usate le frasi più comunemente usate, come "tempo di protrombina".

Abbiamo iniziato a creare *Long Common Name* per i termini di laboratorio, ma ora li stiamo producendo per tutti i termini. Le stringhe di testo per i nomi lunghi comuni sono soggette a modifiche nel tempo mentre continuiamo a perfezionare il processo algoritmico e raccogliamo feedback dagli utenti. In particolare, molti dei *Long Common Name* per termini clinici non hanno avuto un focus così intenso come i termini di laboratorio, quindi prevediamo che questi vengano perfezionati nel tempo. Nella versione 2.54 di LOINC, molti dell'ecocardiografia e dell'oftalmologia sono stati aggiornati in base ai contributi di DICOM e del National Eye Institute, rispettivamente. Attraverso la versione LOINC 2.65, ogni *Long Common Name* LOINC era unico. Ciò era vero anche per termini duplicati deprecati, alcuni dei quali avevano periodi aggiuntivi aggiunti ai loro nomi per renderli unici. Tuttavia, il comitato LOINC ha raccomandato che i concetti realmente

duplicati (ovvero, abbiano gli stessi valori esatti per ciascuna delle loro parti) abbiano lo stesso *Long Common Name* e abbiamo implementato questa modifica a partire dalla versione LOINC 2.66.

9.1.1.3 Display name

A partire dalla versione 2.64 di LOINC, abbiamo iniziato a pubblicare *Display Names*, che sono stati sviluppati come prototipo per un set di nomi più "familiare ai medici" rispetto all'attuale *Short Name*, *Long Common Name*, e *Fully Specified Name* LOINC. Sono creati algoritmicamente dal testo di visualizzazione creato manualmente per ciascuna parte e sono generalmente più concisi del *Long Common Name*. Attualmente solo i termini di laboratorio LOINC hanno *Display Names*, anche se in futuro potremmo aggiungere *Display Names* per termini clinici.

In generale, i *Display Names* sono univoci per un determinato concetto; tuttavia, nel caso di concetti veramente duplicati, il nome visualizzato sarà lo stesso. A differenza dello *Short Name* e del *Long Common Name*, *Display Names* non include un indicatore del fatto che un termine è obsoleto.

Alcune delle regole di alto livello utilizzate per creare i *Display Names* includono:

- I componenti sono abbreviati ove possibile usando abbreviazioni e convenzioni comuni come includere solo la prima lettera del genere quando un Component include sia il genere che la specie;
- I sistemi Siero / Plasma e ^ Paziente sono impliciti e tutti gli altri sistemi sono inclusi tra parentesi:
 - o Eccezione: per i termini con la Proprietà Susc, il System è implicito.
- Per Timing Pt è implicito e tutti gli altri valori di Timing sono specificati;
- Se la scala è Qn, il valore della proprietà è incluso e la scala no:
 - o Eccezione 1: per le Proprietà ACnc e Probabilità, la Proprietà viene lasciata fuori e Scala inclusa;
 - o Eccezione 2: quando il Component contiene parole che rendono ridondante la proprietà, la proprietà viene lasciata fuori.
- Se la scala non è Qn, la scala è inclusa al posto della proprietà:
 - o Eccezione 1: in alcuni casi (ad es. ID, Imp) in cui la proprietà trasmette informazioni specifiche su quale risultato aspettarsi, la proprietà è inclusa;
 - o Eccezione 2: Nom è implicito.

9.1.1.4 Consumer Name

Il *Consumer Name* è stato originariamente realizzato a mano per un piccolo sottoinsieme di termini LOINC. All'inizio, questi nomi erano etichettati come "sperimentali". Nel 2019 abbiamo intrapreso uno sforzo concertato per sviluppare un set più completo di nomi a misura di consumatore, principalmente basato sulla crescente disponibilità di app per la salute e il benessere rivolte al consumatore che sfruttano i codici LOINC esistenti per i dati sottostanti.

I *Consumer Name* vengono creati in base al testo del nome del consumatore predisposto manualmente per ciascuna parte. Contrariamente agli altri nomi, questo testo può rappresentare un concetto più generale per la Parte che definisce. Questi nomi non rappresentano ciascuna delle Parti che definiscono un determinato termine, non sono univoci e non includono un indicatore che indichi che un termine è deprecato.

I *Consumer Name* sono destinati esclusivamente alla visualizzazione a valle e non devono essere utilizzati in alcun punto del flusso di lavoro clinico, né allo scopo di mappare termini locali su LOINC.

- Alcune delle regole di alto livello utilizzate per creare i *Consumer Name* includono: Il campione viene posizionato alla fine del nome ed è preceduto da una virgola;
- Quasi tutti i campioni intravascolari sono etichettati come Sangue, con alcune eccezioni come il Blood Dry Spot;
- I valori di proprietà, scala e metodo sono per lo più esclusi. Ciò si traduce in molti *Consumer Name* duplicati e si basa sul presupposto che il valore del risultato e /o le unità di misura forniranno il contesto per il nome;

- Le abbreviazioni non vengono utilizzate se non in casi selezionati, come l'HIV; tuttavia, alcune abbreviazioni sono incluse tra parentesi a scopo educativo.

L'attuale raccolta di *Consumer Name* ha un livello di maturità "pre-produzione" e accogliamo con favore il feedback degli utenti su di essi. Fino a quando non raggiungeranno lo stato di produzione, prevediamo di rilasciarli in un file separato anziché nel campo *Consumer_Name* esistente nella tabella LOINC.

9.1.2 Classi

Assegniamo ciascun termine LOINC a una categoria generale chiamata Classe. Queste categorie sono relativamente ampie e hanno lo scopo di semplificare l'ordinamento e la navigazione nel database. Non intendono essere le caratteristiche definitive vincolanti del termine e possiamo perfezionarle nel tempo. Un elenco più dettagliato delle Classi è presentato nell'Appendice B. Nel presente documento molte convenzioni e approcci di denominazione sono descritti in riferimento a una Classe di termini. Qui forniamo un po' di spiegazioni su alcune Classi dei termini di laboratorio.

La classe di Microbiologia comprende tutti i test utilizzati per identificare i microrganismi e le prove di infezione da parte di organismi specifici, nonché le colture che conducono esami microscopici che identificano gli organismi o danno prova di infezione presente o passata con organismi specifici. La microbiologia comprende test per anticorpi, antigeni, DNA e RNA. La classe sierologica non include misure di anticorpi o antigeni correlati a microrganismi. La classe di patologia molecolare non include test basati su RNA o DNA per organismi infettivi. (Sono tutti inclusi in Microbiologia.)

La classe Banca del Sangue comprende tutti i test delle banche del sangue, inclusi i test AB0-Rh. La classe Allergie comprende test per anticorpi anti allergeni (peli di gatto, alberi, ecc.). La Sierologia comprende reumatologici e autoanticorpi e misure antigene non coperte da queste due classi. La Hematology/cell counts esclude gli studi di coagulazione che si trovano in una classe separata. Le misure dell'attività del complemento sono incluse in Ematologia, non in Chimica. La Chimica non include test di verifica come tolleranza al glucosio, stimolazione con ACTH, ecc.; questi sono in una categoria separata chiamata Challenge test.

9.1.3 La classificazione dei termini LOINC come ordine, osservazione o entrambi

I termini LOINC possono essere abbinati a codici di test locali che svolgono ruoli diversi. Ad esempio, un codice LOINC può essere utilizzato per effettuare un ordine, per segnalare osservazioni discrete o, in alcuni casi, un termine LOINC può essere utile in entrambi i modi.

Lo scopo del campo *ORDER_OBS* nel database LOINC è di fornire agli utenti un'idea dell'uso previsto del termine classificandolo come solo ordine, solo osservazione o entrambi. Una quarta categoria, Sottoinsieme, viene utilizzata per termini che sono sottoinsiemi di un panel ma non rappresentano una raccolta di articoli che noti per essere ordinabili. La nostra categorizzazione di un termine in questo modo non è una risoluzione normativa o vincolante. Cioè, non è un attributo definitivo del termine. Piuttosto, rappresenta la migliore approssimazione di Regenstrief sull'uso del termine. (Se ritieni che un termine debba essere classificato in un modo diverso, faccelo sapere.)

Nei messaggi HL7, la posizione nel messaggio in cui viene utilizzato il codice LOINC indicherà quale ruolo sta adempiendo il termine LOINC. Se si trova in OBX-3, viene utilizzato come osservazione. Se è in OBR-4, è un ordine.

Esempi di ogni categoria includono:

Solo ordine

34531-4 Blood type and Crossmatch panel – Blood

Questo termine rappresenta un ordine per un tipo e un incrocio che non porterebbe mai una risposta (ovvero, valore del risultato). I termini del pannello generalmente rientrano nella categoria Solo ordine.

Solo osservazione

51890-2 Factor VIII units given [#]

Questo termine è un'osservazione discreta che porterebbe un risultato del numero di unità fornite al paziente, ma non verrebbe mai inserito come un ordine per "Unità fattore VIII fornite".

Entrambi

882-1 AB0 and Rh group [Type] in Blood

Questo termine può essere utilizzato per effettuare un ordine come anche per riportare il risultato del test (ad es. A positivo).

9.1.4 Osservazioni associate

Nella tabella LOINC, un termine LOINC può essere collegato a una o più “osservazioni associate” opzionali nel campo AssociatedObservation. Le osservazioni associate sono variabili aggiuntive che possono essere riportate insieme all'osservazione primaria. All'interno di LOINC, possiamo collegare termini di osservazione primari ad altri singoli termini o panel LOINC contenenti un insieme di termini.

Esistono tre casi d'uso principali per collegare i termini LOINC ad altre osservazioni associate:

1. Riportare informazioni relative al risultato primario che altrimenti potrebbero essere riportate utilizzando un campo di commento, come il volume di urina in nella raccolta delle urine nelle 24 ore o il peso del campione;
2. Includere i dati chiave in un formato strutturato e calcolabile quando si invia un rapporto o documento di testo altrimenti non strutturato;
3. Identificare delle sezioni e delle voci dalle guide all'implementazione di HL7 Clinical Document Architecture (CDA) che possono essere riportate con determinati codici documento LOINC.

Le osservazioni associate possono essere utilizzate insieme ai risultati di laboratorio che vengono generalmente inviati in un formato non strutturato, come i risultati dei test genetici. Incoraggiamo i laboratori a riportare quanti più dati possibile utilizzando i codici LOINC variabili discreti in modo che i dati siano direttamente computabili. Ad esempio, le osservazioni associate collegate a un'analisi di mutazione mirata su un gene BRCA1 possono includere concetti come identificatori genici, motivo del test genetico, variazione della sequenza genetica rilevata, sequenza di riferimento genomico e versione specifica del sistema di codifica utilizzato per riportare i risultati. Allo stesso tempo, i laboratori possono comunque conservare la flessibilità di inviare report di testo che possono essere formattati per essere leggibili.

Molti codici documento LOINC possono essere utilizzati con una o più guide implementative (IG) HL7 CDA correlate. Per facilitare l'identificazione delle sezioni (e talvolta dei codici entry level), che possono essere utilizzate con un particolare codice documento, stiamo lavorando per collegare un pannello di osservazioni associate per ogni IG.

9.1.5 Ask-at-order-entry (AOE)

Le osservazioni Ask-at-order-entry (AOE) in LOINC sono osservazioni ottenute dal richiedente come parte dell'ordine di prova e generalmente restituite al richiedente come parte del pacchetto di risultati. Ad esempio, la concentrazione di ossigeno inspirato è sempre una domanda AOE per le misurazioni dei gas nel sangue, nonché la data dell'ultimo ciclo mestruale per il pap test.

All'interno di LOINC, possiamo collegare le osservazioni AOE al test primario usando una struttura simile a quella descritta per le osservazioni associate. Il collegamento tra l'osservazione primaria e le osservazioni AOE è memorizzato nel campo AskAtOrderEntry della tabella LOINC. Non abbiamo ancora implementato ampiamente le osservazioni AOE ma disponiamo del meccanismo e stiamo lavorando con più organizzazioni per indirizzare domini specifici, tra cui malattie infettive e altri settori di salute pubblica come il test piombo (per indagare le conseguenze di un'esposizione al piombo).

9.1.6 Termini collegati

Il database LOINC include un campo (RELATEDNAMES2) per i nomi correlati associati ai termini LOINC. Forniamo queste associazioni come servizio agli utenti LOINC per aiutarli a trovare i concetti che stanno cercando. Spesso usiamo colloquialmente la parola “sinonimo” quando ci riferiamo a nomi correlati, tuttavia,

la maggior parte dei termini nel campo RELATEDNAMES2 non sono veri sinonimi. I valori in questo campo possono includere nomi comuni, abbreviazioni, nomenclatura precedente, errori ortografici comuni, codici allergeni e malattie associate. Queste informazioni hanno lo scopo di aiutare gli utenti a individuare concetti pertinenti, ma possono anche tradursi in risultati di ricerca “falsi positivi” a causa della sovrapposizione dei nomi correlati associati a concetti diversi. Ad esempio, uno dei nomi correlati per Influenza è Flu, quindi la ricerca di Influenza restituirà i codici LOINC relativi all'influenza. Tuttavia, Flu è anche associata al Fluido, quindi la stessa ricerca di Flu restituirà anche i codici LOINC con il system del fluido corporeo, liquido amniotico, ecc.

9.2 LOINC Risposte ed Elenchi di risposte

In molti domini, il significato di una particolare osservazione può essere meglio compreso nel contesto della serie di possibili risposte (valori risultato). Ad esempio, le domande/argomenti negli strumenti di valutazione standardizzati hanno spesso un elenco di risposte fisse ed altamente specializzate. In molti contesti, è l'elenco delle risposte che meglio definisce il significato del concetto rappresentato dalla domanda. Inoltre, poiché molte delle opzioni di risposta sono altamente specializzate, poche sono rappresentate da codici esistenti in terminologie di riferimento. Per tali motivi, abbiamo creato una rappresentazione strutturata di elenchi di risposta in LOINC.

Identifichiamo il legame dei codici di osservazione LOINC con le liste di risposte come "normativa", "preferita" o "esempio".

Elenchi **normativi** sono quelli espressamente definiti da uno strumento validato o un'altra fonte autorevole. Quando si usano i codici di LOINC vincolati agli elenchi di risposte normativi, soltanto le risposte in questo insieme specificato possono essere considerate valori di risultato. Esempi di fonti per gli elenchi di risposte normativi sono PROMIS o il Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium (CPIC).

Elenchi **preferiti** sono quelli che contengono una serie di risposte, per le quali si consiglia vivamente agli utenti l'utilizzo. Essi rappresentano un gruppo raccomandato, ma nonostante ciò, in contrasto con l'elenco normativo, possono essere usati i valori di risultato alternato se necessario. Gli elenchi preferiti possono provenire da svariate fonti, incluse le organizzazioni professionali (es. Associazione Americana di Terapia Fisica), produttori di dispositivi, e governo (es. Centri per il Controllo e Prevenzione delle malattie, National Eye Institute).

Elenchi esemplificativi sono destinati ad essere illustrativi, o pensati come set iniziale al quale un utente può aggiungere o sottrarre a seconda del loro caso d'uso. Molti degli elenchi di risposte esemplificativi si trovano nel dominio di laboratorio in cui diversi laboratori possono riportare risultati simili in diversi modi, come “Positivo”, “Presente”, “Rilevato”, “Anomalia”, “Fuori misura” ma per i quali noi abbiamo un unico elenco di risposte esemplificativo.

A partire dalla versione 2.61, abbiamo creato un meccanismo mediante il quale un singolo termine LOINC può essere collegato a più elenchi di risposte con diversi punti di forza definiti nel contesto di un determinato panel. Ad esempio, se due diversi strumenti di indagine hanno la stessa identica domanda con due diversi elenchi di risposte, anziché creare due codici diversi con differenti metodi, ora abbiamo la possibilità, nel contesto di un panel, di allegare un diverso elenco di risposte alla stessa domanda. Useremo questo meccanismo solo quando il significato dell'osservazione è lo stesso su tutti i panel. Se le osservazioni rappresentano domande diverse, creeremo codici diversi. Applicheremo questo formato a nuovi termini andando avanti e prevediamo di aggiornare nel tempo i termini esistenti.

Non tutti gli elenchi di risposte sono completamente enumerate all'interno di LOINC. Ad esempio, alcune domande possono trarre le loro risposte da una grande terminologia come ICD-9-CM o CPT e noi non riproduciamo questi elenchi all'interno della struttura di LOINC. Questi elenchi di risposte che non sono del tutto numerati su LOINC sono contrassegnati da un flag che indica la loro definizione esterna. Abbiamo registrato l'elenco di risposta OID (se assegnato dal Regenstrief o da un'altra organizzazione), e facoltativamente un URL che punta a un sistema esterno.

Alle risposte individuali viene assegnato un identificatore non-semantic con un prefisso “LA” e una mod-10 check digit (vedi Appendice C). I codici di risposta che LOINC assegna sono univoci per stringa lessicale (ignorando l’uso delle lettere maiuscole), e di proposito non distinguono tra le stringhe che possono avere significati diversi a seconda del loro uso contestuale.

Alle liste di risposte LOINC viene inoltre assegnato un identificatore non semantic con un prefisso “LL” e una check-digit mod-10 (vedere Appendice C). Gli elenchi di risposta LOINC sono disponibili per la visualizzazione nel programma RELMA e nelle pagine dei dettagli. Esistono pagine di dettagli per ciascun elenco di risposte LOINC e l’elenco delle risposte viene visualizzato anche come una sezione delle pagine di dettaglio per i termini LOINC a cui sono associati.

A partire da LOINC versione 2.61, gli elenchi di risposte (e le risposte) sono disponibili anche nell’artefatto *Risposte*, che è un download separato dal sito Web LOINC. Questo file include due tabelle: una include tutti gli elenchi di risposte (comprese le informazioni su ciascun elenco e le stringhe di risposta in esso contenute) associati ai termini LOINC nella versione corrente e il secondo contiene collegamenti tra tutti i termini LOINC che hanno elenchi di risposte e tali elenchi. Per ulteriori informazioni, consultare il documento *AnswerFile_Readme.txt* incluso nel *AnswerFile*.

9.2.1 Valori nulli negli elenchi di risposta LOINC

Si rende a volte necessario indicare l’assenza di un valore di risultato valido. Ad esempio, una domanda su un questionario potrebbe prevedere un numero di scelte di risposta e poi un’opzione alla fine come “non conosciuto”, “non utilizzabile”, “non disponibile”, ect. Negli standard di HL7 questo tipo di valori di risposta è chiamato **valori nulli** (si veda <https://www.hl7.org/fhir/v3/NullFlavor/index.html>).

Esistono due tecniche per comunicare l’esistenza di un valore nullo. Nella versione 3 di messagistica, c’è un attributo specifico *nullFlavor* che è disponibile per qualsiasi osservazione, in questo modo queste scelte non fanno parte dell’elenco effettivo di risposte. Nella versione 2 di messagistica e FHIR, di norma si includono i valori nulli specifici consentiti all’interno delle scelte dell’insieme di risposte. Noi crediamo che entrambi gli approcci siano vantaggiosi.

Non intendiamo realizzare su LOINC degli elenchi di risposta diversi che variano soltanto a seconda dell’inclusione o esclusione di certi valori nulli, e questo vale anche per gli elenchi di risposta normativi. Perciò, la nostra politica è quella di aggiungere valori nulli specifici come entrate nell’elenco di risposte dove conosciamo la loro importanza. Ma, qualsiasi elenco di risposta di LOINC (incluso il normativo) può essere ampliato o ridimensionato dai valori nulli senza violating the intended conformance that is specified through the binding. Così, se l’elenco di risposte normativo includesse un’opzione “non conosciuto”, LOINC non realizzerebbe un codice separato per la stessa osservazione con “non disponibile” nell’elenco di risposta anziché usare “non conosciuto”. In linea con uno spirito di conformità al significato di LOINC, gli utenti sono altrettanto liberi di fare queste sostituzioni, inserzioni, o esclusioni di valore/i nullo/i nell’elenco di risposte.

9.3 Parti LOINC e Gerarchie delle Parti

Al fine di supportare diversi aspetti chiave di sviluppo, Regenstrief ha creato le Parti LOINC, che sono una rappresentazione codificata di un valore di una dimensione utilizzata per specificare un Termine LOINC. Le Parti LOINC sostengono la traduzione dei termini LOINC in altre lingue, il collegamento di sinonimi attraverso molti termini, la creazione di gerarchie per raggruppare termini LOINC collegati tra loro, oltre ad avere diverse altre funzioni.

Alle Parti LOINC individuali viene assegnato un identificatore non-semantic con un prefisso “LP” e una mod-10 check digit.

Le Parti LOINC e le gerarchie delle parti LOINC servono ad organizzare o essere i costituenti di termini LOINC. Come descritto nella licenza LOINC, non sono destinati ad essere utilizzati come terminologia indipendente, né usati separatamente dai termini LOINC.

Inoltre, le Parti LOINC e le gerarchie delle Parti LOINC non sono gestite rigorosamente sotto le stesse politiche dei termini LOINC.

9.3.1 Distribuzione delle Parti

A partire dalla versione 2.61 di LOINC, stiamo rilasciando un artefatto *Parti* come download separato dal sito web LOINC. Questo file include tre tabelle: una include tutte le Parti associate a tutti i termini LOINC nella versione corrente, la seconda contiene collegamenti tra i termini LOINC e le loro parti e la terza ha mappature tra un sottoinsieme di Parti e codici correlati da esterni terminologie standard come SNOMED CT. Per ulteriori informazioni, consultare il documento `PartFile_Readme.txt` incluso nel `PartFile`.

9.4 Descrizioni

LOINC contiene due tipi di descrizioni, una a livello di Parte e una a livello di termine. Le descrizioni sono allegate alle parti quando le informazioni sono specifiche della parte, come Component o Metodo, e sono allegate al termine quando le informazioni si applicano al termine nel suo insieme e non ad una singola parte del termine. Ad esempio, la componente glucosio è associata a una descrizione per il glucosio carboidrato, mentre la descrizione del termine seguente descrive il test di equilibrio peritoneale, che si applica alla combinazione di glucosio, sosta notturna e fluido per dialisi peritoneale:

79264-8 Glucose [Moles/volume] in Peritoneal dialysis fluid --overnight dwell

79264-8 Glucosio [Moli/volume] in Liquido di dialisi peritoneale --scambio notturno

Un test di equilibrio peritoneale (PET) viene utilizzato per valutare le proprietà di trasporto della membrana peritoneale nei pazienti sottoposti a dialisi peritoneale. I pazienti arrivano all'unità di dialisi al mattino con il liquido di sosta durante la notte ancora nell'addome. Il fluido durante la notte viene completamente drenato e campionato per il test. Nel PET classico vengono instillati 2000 ml di una soluzione di glucosio al 2,27% e viene avviata la dialisi peritoneale. Campioni da dieci da ml vengono prelevati al momento 0, 2 e 4 ore per misurare la creatinina, l'urea e il glucosio. Il PET valuta il tasso di equilibrizzazione del soluto tra sangue capillare peritoneale e dializzato in base al rapporto tra le concentrazioni di soluto nel dializzato e nel plasma (D/P). I risultati della PET vengono utilizzati per regolare vari aspetti del regime di dialisi peritoneale di un paziente, inclusi il tempo di permanenza, il numero di scambi, il volume e la composizione della dialisi. [PubMed: 7474677]

9.5 Tabella Core di LOINC

A partire da LOINC versione 2.61, stiamo fornendo un artefatto chiamato `LoincTableCore` che è disponibile come download separato dal sito web LOINC. Lo scopo di questa tabella core è fornire il contenuto essenziale di LOINC in un formato più stabile nel lungo periodo. La tabella core contiene tutti i termini LOINC presenti nella tabella completa (ovvero lo stesso numero di righe), ma un sottoinsieme dei campi (ovvero un numero diverso di colonne). I campi inclusi nella tabella principale sono quelli che sono anche cruciali per la definizione di ciascun termine LOINC e la cui struttura non è suscettibile di modifiche a breve termine. Stiamo fornendo questo formato per rendere più semplice l'aggiornamento da parte degli implementatori all'ultima versione di LOINC senza dover apportare modifiche alla struttura del database. Tuttavia, a seconda del loro caso d'uso, alcuni implementatori potrebbero aver ancora bisogno di fare riferimento alla tabella LOINC completa per trovare tutte le informazioni rilevanti.

9.6. Gruppi LOINC

A partire da LOINC versione 2.61, stiamo fornendo un artefatto chiamato `Gruppi` che è disponibile come download separato dal sito web LOINC. L'obiettivo del progetto dei gruppi LOINC è quello di creare un meccanismo flessibile, estensibile e computabile per raggruppare gruppi di codici LOINC per vari scopi. I casi d'uso rappresentativi comprendono l'aggregazione di dati per la visualizzazione su un foglio di flusso all'interno di un sistema EHR, recuperando di dati per la segnalazione di misure di qualità e la raccolta di dati per la ricerca. Questo è un lavoro in corso e il contenuto del file e dei gruppi DEVE essere convalidato dagli utenti prima dell'implementazione in qualsiasi aspetto dell'assistenza clinica. Per ulteriori informazioni, consultare il documento `GroupFile_Readme.txt` contenuto nel `GroupFile`.

10 Misure di Valutazione Standardizzate

10.1 Introduzione

Con la versione 1.0p il LOINC Committee ha approvato l'inclusione di misure di valutazione standardizzate (es., strumenti d'indagine). La rappresentazione delle osservazioni di queste valutazioni in LOINC ha necessitato un'estensione modesta dell'asse di System per poter includere delle unità aggregate di analisi, come

“famiglia” e la memorizzazione di attributi aggiuntivi all’interno del database LOINC. Bakken³⁰ offre una descrizione dettagliata della metodologia per la valutazione e l’inclusione in LOINC, e le estensioni agli assi LOINC.

Il corpus iniziale dei materiali rappresentati in LOINC proviene da strumenti standardizzati di valutazione infermieristica. In seguito, abbiamo ampliato i contenuti per coprire strumenti di valutazione standardizzati in molti altri domini. Visto che abbiamo aggiunto dei contenuti, abbiamo perfezionato la nostra modellazione. Vreeman et al. hanno pubblicato una sintesi del nostro approccio e la sua evoluzione.³¹

10.2 Rappresentazione LOINC

L’organizzazione complessiva degli strumenti d’indagine e altre collezioni è rappresentato in LOINC tramite l’uso di una struttura di panel nidificato in coerenza con modelli attuali per panel di laboratorio. I codici LOINC sono creati per le individuali domande/elementi all’interno di uno strumento, nonché per i panel/gruppi di termini che rappresentano la natura gerarchica dello strumento. Riconosciamo che le valutazioni standardizzate hanno proprietà psicometriche che sono essenziali alla loro interpretazione, e così il modello di dati comprende elementi come il testo della domanda e permettono opzioni di risposta come attributi del codice di osservazione LOINC.

10.2.1 Regole di denominazione e convenzioni per nomi di collezioni (es. panel, strumenti di indagine).

LOINC crea codici per le collezioni, come descritto nel paragrafo relativo a Panel di Ordini (batterie). In genere, gli attributi Proprietà e Scala sono un trattino “-”, perché gli sottoelementi (domande) variano in questi assi. Creiamo diversi termini panel per le diverse versioni dello stesso strumento dove ci sono cambiamenti significativi (es., le diverse domande poste, diverse opzioni di risposta, ecc.). Alcuni strumenti di valutazione della stessa versione hanno diverse “moduli” che contengono collezioni univoche di oggetti. Ad esempio, OASIS-C ha cinque moduli univoci che rappresentano diversi sottoinsiemi di domande che vengono utilizzati in diversi momenti: Inizio cura, Ripresa cura, Follow-up, Trasferimento in uno stabilimento, e Dimissione da Agenzia. LOINC crea diversi termini panel per ciascuno di questi moduli.

10.2.2 Attributi dei termini LOINC per singole domande o variabili

La tabella LOINC contiene i campi che memorizzano attributi aggiuntivi rilevanti per molti termini usati per le singole domande o variabili. Alcuni esempi sono i campi che contengono il testo esatto della domanda, avviso esterno di copyright, esempio di unità, e il campo HL7 dove deve essere consegnato il contenuto (se Null, presumere OBX).

Al fine di inserire strumenti che sono protetti da copyright da parti terze, abbiamo aggiunto un campo Copyright Esterno alla tabella LOINC (EXTERNAL_COPYRIGHT_NOTICE). Questo campo include le condizioni d’uso specificate, e, inoltre, questi termini sono evidenziati visivamente nel programma RELMA quando appaiono nei risultati di ricerca. Abbiamo incluso solo il contenuto in questo modo che sia coerente con l’obiettivo generale di LOINC, quindi il contenuto permette l’uso e la distribuzione gratuita per scopi clinici, amministrativi e di ricerca o con l’autorizzazione o sotto i termini d’uso.

LOINC solitamente non crea termini per informazione che ha un campo designato in un messaggio HL7. Ma, al fine di creare set completi di elementi per alcuni strumenti abbiamo creato termini LOINC per elementi quali il nome del paziente. Per identificare questi contenuti, abbiamo aggiunto un sotto-identificativo (ID) per il campo HL7 alla tabella LOINC e indichiamo la posizione HL7 corrispondente (es. PID-5.2).

³⁰ Bakken S, et al. Evaluation of Clinical LOINC (Logical Identifiers, Names, and Codes) for Terminology Model for Standardized Assessment of Measures. JAMIA 7:2000; 529-538. [PubMed: 11062226]

³¹ Vreeman DJ, McDonald CJ, Huff SM. LOINC® - A Universal Catalog of Individual Clinical Observations and Uniform Representation of Enumerated Collections. Int J Funct Inform Personal Med. 2010;3(4):273-291. Epub 2011 May 23. [PubMed: 22899966]

10.2.3 Elenchi strutturati di risposte

Le domande/elementi negli strumenti di valutazione standardizzati spesso hanno elenchi di risposte altamente specializzate e fisse. Come descritto nella Sezione 9.2, abbiamo creato una rappresentazione strutturata degli elenchi di risposte per le domande negli strumenti di valutazione rappresentati in LOINC.

10.2.4 Attributi di elementi che variano in base alla collezione genitore

Alcuni attributi importanti di un termine LOINC per una domanda o variabile possono variare se tale concetto è usato in diverse valutazioni o nei diversi moduli della stessa valutazione. Per esempio, “misurazione del peso corporeo” è una variabile di numerose valutazioni diversi. Nel contesto di ogni strumento, quello stesso concetto potrebbe avere diversi codici locali, testo di guida, regole di convalida, o relativi salti concettuali. Abbiamo quindi memorizzato questi attributi a livello dell’istanza dell’elemento in un panel particolare.

10.2.5 Scegliere il “display text” per una domanda o variabile

Come illustrato nelle sezioni precedenti, abbiamo tre campi che possono catturare la visualizzazione precisa della domanda/elemento nel modulo in questione. (Con alcuni strumenti, può essere difficile determinare qual è esattamente il testo della domanda). Il Component di un termine LOINC rappresenta la cosa o l’attributo da misurare, ed è l’opzione predefinita (default) per la acquisizione del testo per l’elemento. Tuttavia, ci sono diversi motivi perché il component possa non essere il preciso testo per l’elemento. Quelli più significativi includono: le nostre convenzioni LOINC per la denominazione non ammettono alcuni caratteri, (es., “/” o “?”) a causa delle nostre regole interne di sintassi per “Parte”, che alcuni aspetti della domanda sono modellate su altre parti del nome formale LOINC, o che c’è per “la cosa da misurare” qualche aspetto importante (es., un periodo di revisione per gli ultimi 7 giorni) che non è rappresentato esplicitamente nel modulo per quell’elemento particolare. In generale, ai fini della visualizzazione del testo come appare sullo strumento, si può seguire la seguente regola:

1. **DISPLAY_NAME_FOR_FORM** nella tabella FORM_DATA (RELMA) o la tabella FORMS (CSV file export) [se riempita]. Questo campo fornisce una visualizzazione in sovrapposizione che è collegata all’istanza del codice di domanda LOINC in un modulo specifico. Permette che lo stesso concetto clinico abbia delle leggere divergenze in diversi moduli dove le divergenze non comportano nessun cambiamento al significato del concetto e accolgono le istanze in cui le convenzioni LOINC per la denominazione richiedono che ci sia una qualche differenza tra l’elemento e il Component LOINC. Per esempio, un elemento potrebbe avere l’etichetta di modulo “Body Mass Index (BMI)” (Indice di Massa Corporea) ma il Component LOINC sarebbe semplicemente “Body mass index”.

Se la domanda o variabile proviene da un’indagine:

2. **SURVEY_QUESTION_TEXT** nella tabella LOINC [se riempita]. Questo elemento è popolato quando si interroga la variabile/elemento. In alcuni casi, la variabile ha sia una domanda (question) che una etichetta (label). **In tali casi, il campo SURVEY_QUESTION_TEXT viene riempito con entrambi, con la forma [Label].[Question text].** Per esempio, per la voce J0300 nella MDS versione 3 abbiamo “Presenza di dolore. Chiedere al Resident (specializzando): “Ha avuto dolore in qualunque momento nel corso degli ultimi 7 giorni?”.
3. **COMPONENT** nella tabella LOINC. Questa è la visualizzazione di scelta predefinita (default).

Altro:

4. **SHORTNAME** nella tabella LOINC. Questo campo contiene un *short display name* (40 caratteri o meno).
5. **COMPONENT** nella tabella LOINC. Questa è la visualizzazione di scelta predefinita (default).

Oltre a questi campi, alcuni dei codici LOINC utilizzati con gli strumenti di indagine possono avere altri campi di denominazione LOINC come ad esempio Short Name, Long Common Name, o l'appena creato Consumer Name. Questi nomi aggiuntivi possono essere utili in alcuni contesti per questi elementi, ma usiamo ancora la regola di cui sopra per catturare la rappresentazione dell'elemento nello strumento. Alcuni degli originali strumenti di indagine modellati in LOINC possono non seguire alla lettera questa regola, in parte a causa del fatto che non avevamo il modello di rappresentazione di indagine che abbiamo attualmente. Futuri lavori includono la revisione per l'eventuale necessità di effettuare delle modifiche.

10.2.6 Tipo di Metodo (6° parte) per una domanda o variabile

Per le variabili legate ad un elenco di risposte definito che provengono da una fonte esterna, è diventata la nostra politica registrare come Metodo il fonte iniziale. Ad esempio, le variabili registrati per prima per il Minimum Data Set (MDS) avrà un metodo di MDS. Questo non significa che il termine non possa essere usato in altri contesti, come altri panel o altre indagini. Finché si capisce il contesto d'uso, la variabile può essere utilizzata in altri contesti in cui il termine è esattamente lo stesso del termine originale, ivi compreso gli elenchi delle risposte.

10.2.7 Tempo di misurazione (terza parte) per una domanda o variabile

A partire dalla versione di Giugno 2015, il Tempo di misurazione, per le domande di indagine che includono un periodo di ripensamento, specifica questo periodo come Tempo piuttosto che usare "Pt". Questo cambiamento era stato approvato dal LOINC Clinical Committee nell'incontro Clinical LOINC di Febbraio 2015 e verrà applicato a tutti i nuovi termini in futuro.

Durante l'incontro Clinical LOINC di Agosto 2015 sono state approvate altre regole di denominazione, tra cui:

- Utilizzare l'esatto tempo dato in un domanda d'indagine convalidata come il valore Tempo (i.e., per domande con un periodo di ripensamento di 7 giorni, si utilizza "7D" per Tempo invece che "W")
- Aggiungere "Lifetime" come possibile valore Tempo
- Per le domande di ripensamento, usare la fine più lunga del range per Time (es., se la domanda chiede "Negli ultimi 2-6 mesi...", il valore Tempo sarà "6Mo")

Per la versione di LOINC 2.54 quasi tutti i termini che riguardano lo strumento di indagine esistenti che includono un periodo di ripensamento dispongono di una parte Tempo aggiornata, e continueremo a realizzare questo genere di cambiamenti procedendo con qualsiasi termine che non è stato aggiornato per la versione 2.54.

10.2.8 Informazioni sul modulo

Gli strumenti di valutazione spesso contengono testo aggiuntivo che precede o segue un elemento per guidare gli utenti a compilare il modulo o fornire un contesto aggiuntivo sull'elemento. LOINC utilizza due campi, CodingInstructions e Context, per rappresentare queste informazioni.

Quando il testo fornisce dettagli sul completamento del modulo, ad esempio "Immettere 88 se il paziente non risponde o non è in grado di rispondere", quel testo viene rappresentato come CodingInstructions.

Quando il testo fornisce ulteriori spiegazioni o descrizioni, in genere viene rappresentato come contesto. Ad esempio, insieme a un elemento che ricodifica il numero di ulcere da pressione allo stadio 2 di un paziente, il modulo può mostrare una spiegazione clinica di cosa sia un'ulcera allo stadio 2: "Stadio 2: perdita parziale di spessore del derma che si presenta come un'ulcera aperta superficiale con un letto di ferita rosso o rosa, senza rughe. Può anche presentarsi come un blister intatto o aperto/rotto." Tale testo è rappresentato come Contexto.

Questi attributi specifici del modulo vengono visualizzati nelle pagine dei dettagli LOINC e sono presenti nel file dei panel e dei moduli LOINC.

10.3 Valutazione del contenuto nella Distribuzione LOINC

A partire dalla versione 2.26 di LOINC (gennaio 2009), l'esportazione del contenuto dei panel e dei moduli è disponibile come download separato nel rilascio LOINC. Questo pacchetto contiene l'intero contenuto della valutazione, tra cui:

1. La struttura gerarchica (relazioni padre/figlio) e gli attributi specifici del panel
2. Un estratto della Tabella LOINC principale per tutti i termini nel set
3. L'elenco delle risposte strutturato per ogni termine variabili LOINC nel set

Questo contenuto è disponibile per il download dal sito web LOINC. Per ulteriori dettagli, consultare il file `PanelsAndFormsReadMe.txt` nel file LOINC Panels e LOINC Forms. Tutto il contenuto della valutazione è anche incluso nel programma RELMA.

10.4 Aggiornamenti in corso attraverso la nostra collaborazione con CMS su valutazioni post acuta

Attraverso una collaborazione con Centers for Medicare e Medicaid Services (CMS), stiamo aggiornando l'attuale rappresentazione LOINC delle valutazioni CMS Long-term Post Acute Care (LTPAC) e creando nuove rappresentazioni LOINC per le valutazioni CMS PAC non attualmente rappresentate in LOINC. Il lavoro include Nursing Home Minimum Data Set (MDS), Long-term Care Hospital CARE Data Set (LCDS), In-Patient Rehabilitation Facility Patient Assessment Instrument (IRF-PAI), and the Home Health Outcome and Assessment Information Set (OASIS).

Il nostro lavoro su questi contenuti è iniziato nell'agosto 2016 e, a partire dalla versione 2.63 di LOINC (dicembre 2017), i contenuti nuovi e aggiornati rappresentano le versioni attuali di tutte e quattro le valutazioni LTPAC di CMS. Mentre continuiamo a collaborare con CMS, prevediamo di rilasciare la rappresentazione LOINC per ogni nuova versione di queste valutazioni prima della data di pubblicazione finale del CMS in modo che il contenuto LOINC sia disponibile per l'implementazione al momento della pubblicazione finale.

Nell'intraprendere questo lavoro, il LOINC Committee ha concordato di adottare un metodo unificato di valutazione CMS su tutti gli strumenti, piuttosto che avere un metodo specifico per lo strumento di valutazione che è stato modellato per la prima volta in LOINC.

Questa modifica incoraggia e facilita il riutilizzo delle variabili di valutazione tra gli strumenti ove appropriato.

Abbiamo inoltre migliorato il programma RELMA con collegamenti ai codici degli articoli di valutazione CMS che possono essere ricercati come "Codici correlati". Ad esempio, la ricerca di "Codici correlati: BB0700" in RELMA restituirà il termine LOINC che rappresenta l'elemento di valutazione CMS "Espressione di idee e desideri".

11 Politiche e Procedure Editoriali

11.1 Orientamento al concetto e cambiamenti nei nomi LOINC

LOINC è una terminologia basata sui concetti, il che significa che fornisce un modo di denominare classi di cose che esistono nel mondo reale. A ogni concetto (termine) viene assegnato un identificatore e un fully specified name. Anche altri attributi, tra cui altri nomi come ad esempio un Short Name e Long Common Name, sono forniti nel database LOINC. Il concetto è ancorato dal codice LOINC, non dalle stringhe particolari nel nome formale che ci capita di usare per spiegare il codice. Non è assolutamente possibile trasmettere tutte le sfumature che esistono nel mondo soltanto con attrezzature formali, ed è anche per questo motivo che stiamo lavorando molto duramente per includere le descrizioni di testo narrativo con ogni termine che ulteriormente elabora e spiega il concetto.

In una terminologia complessa e organica come LOINC, i cambiamenti e le modifiche alle denominazioni sono inevitabili per molte ragioni. Fin dalla sua nascita, LOINC ha mantenuto una serie di politiche editoriali che guidano la nostra adesione a questo ideale orientato verso il concetto anche con l'evoluzione della terminologia nel tempo. Una politica onnicomprensiva è che possiamo cambiare il nome (vale a dire la rappresentazione leggibile del concetto) in qualsiasi modo basta che non cambi il significato del concetto. In altre parole, una modifica è ammissibile e valida se è ancora un riferimento inequivocabile a una classe di cose nel mondo reale.

Ad esempio, due diversi sistemi di numerazione sono stati utilizzati per identificare i sierotipi di *Streptococcus pneumoniae*, che sono importanti nel valutare la copertura dei vaccini per pneumonie polivalente. Il sistema statunitense utilizza solo numeri, mentre il sistema danese include numeri e lettere. Per un periodo di tempo, i nomi dei termini LOINC furono suddivisi ed erano un mix di identificatori danesi e statunitensi. Successivamente, abbiamo convertito i pochi identificatori di sierotipo danesi nei corrispondenti identificatori di sierotipo statunitensi. Ancora più di recente, quando abbiamo scoperto che la nomenclatura danese è, in effetti, quella comunemente usata sia a livello internazionale che negli Stati Uniti, e che i numeri assegnati a sierogruppi e sierotipi identificati negli ultimi anni hanno reso i nostri termini esistenti ambigui e confusi, abbiamo fatto una revisione approfondita dei nostri termini esistenti. Come descritto più dettagliatamente nel brief tecnico sulla nomenclatura del sierotipo *Streptococcus pneumoniae*, abbiamo deprecato tutti i termini ambigui e li abbiamo mappati a nuovi termini. Inoltre, abbiamo aggiornato i nomi di quelli che non erano ambigui, perché non si trattava di una modifica fondamentale al concetto di base, ma piuttosto solo delle etichette particolari utilizzate per esprimerlo. Non tutte le situazioni sono chiare al cento per cento, così la nostra politica generale è quella di cercare tutto l'input possibile, e in genere questi casi sono presentati al LOINC Committee per la discussione.

11.2 Classificazione dello status del termine LOINC

Lo sviluppo LOINC segue le best practice per lo sviluppo di un sistema terminologico, né riutilizzando né eliminando codici. Se un termine LOINC è identificato come erroneo o come duplicato di un termine precedente è contrassegnato come “soppresso” nel database, ma il record non viene rimosso. Le variazioni di status dei concetti sono fatte con molta prudenza.

Prima della versione LOINC 2.31 (giugno 2010), abbiamo identificato tali termini soppressi popolando il campo STATUS del database con “DEL” e ove possibile individuato concetti superati nel campo MAP_TO della tabella LOINC. Documenti attivi (non soppressi) non avevano alcun valore (nullo) nel campo STATUS. Sulla base di nuovi casi d'uso e di suggerimenti da parte della comunità LOINC, LOINC 2.31 ha esteso tale classificazione. I valori attualmente supportati per lo status dei termini, con la definizione e implicazioni d'uso, sono:

ACTIVE (ATTIVO)	Il concetto è attivo. Utilizzare a piacimento.
TRIAL (PROVA)	Il concetto è di natura sperimentale. Usare con cautela in quanto il concetto e relativi attributi possono cambiare.
DISCOURAGED (SCONSIGLIATO)	Il concetto non è consigliato per uso corrente. Nuovi mapping a questo concetto non sono consigliati; sebbene i mapping esistenti possono continuare ad essere validi nel contesto. Ove possibile, il concetto che sostituisce è indicato nel campo MAP_TO della Tabella MAP_TO

(vedere Appendice A, Tabella 31b) e dovrebbe essere usato al suo posto.

DEPRECATED (DISMESSO)

Il concetto è dismesso. Il concetto non dovrebbe essere utilizzato, ma viene mantenuto in LOINC per scopi storici. Ove possibile, il concetto che lo sostituisce è indicato nel campo MAP_TO della Tabella MAP_TO (vedere Appendice A, Tabella 31b) e dovrebbe essere usato sia per nuovi mapping che per l'aggiornamento di implementazioni esistenti.

Inoltre, LOINC 2.31 ha aggiunto due nuovi campi:

STATUS_REASON

Classificazione del motivo dello status del concetto. Questo campo sarà Nullo per i concetti ACTIVE, e facoltativamente popolato per termini in altri status dove il motivo è chiaro. I termini DEPRECATED o DISCOURAGED possono prendere i valori: AMBIGUOUS, DUPLICATE, o ERRONEOUS.

STATUS_TEXT

La spiegazione dello status del concetto nel testo narrativo. Questo campo sarà Nullo per i concetti ACTIVE, e facoltativamente popolato per i termini in altri status.

La nostra implementazione iniziale di questi nuovi valori di status del concetto ha popolato il campo STATO con “ATTIVO” o “DISMESSO” in base al loro status attuale e ha permesso di identificare un insieme limitato di termini che sono stati designati “SCONSIGLIATO” o “PROVA”.

La ragione principale per cui identificare termini come SCONSIGLIATO è la forte inclinazione che un particolare termine non è più valido data la prassi attuale. Ad esempio, abbiamo contrassegnato come SCONSIGLIATO diversi termini lutropina con Proprietà compatibili con unità di massa o molari perché tutte le fonti di lutropina a nostra disposizione riportano concentrazioni in unità internazionali (UI) per volume e il farmaco di lutropina è prescritto unità internazionali per volume. Per evitare confusione da parte dei mapper, lo status SCONSIGLIATO li tiene lontani da questi termini e li guida verso i candidati più probabili.

La ragione principale di identificare termini come TRIAL è una circostanza costretta, ad esempio, quando la fonte del termine è ancora ambigua. Questo è stato illustrato nel nostro lavoro per creare una rappresentazione LOINC di strumenti di valutazione del pazienti richiesto a livello federale. Qui, il significato dell'oggetto è definito nel contesto d'uso all'interno di tale strumento. Abbiamo avuto la fortuna di lavorare con gli sviluppatori di valutazione nelle prime fasi di sviluppo dello strumento. Questo è vantaggioso perché permette che i codici siano inseriti nelle specifiche dei dati e nei documenti mentre vengono sviluppati, ma siamo nella posizione di creare codici e nomi di elementi di dati i cui attributi sono ancora in evoluzione. Mentre lo strumento si evolve, la rappresentazione specifica dell'elemento (domanda) o opzioni di risposta sul modulo potrebbe cambiare. Infine, la rappresentazione verrà decisa da un organo autorevole (come CMS) e sono destinate ad essere utilizzate in un contesto - il rilascio ufficiale dello strumento. Identificare questi termini come PROVA ci permette di includerli nella distribuzione pubblica, allo stesso tempo segnalando chiaramente il loro status “in sospeso”. Una volta determinata la rappresentazione finale del concetto, i termini inizialmente etichettati TRIAL sarebbero riclassificati come ATTIVO (o forse in rare circostanze DISMESSO o ancora più rare SCONSIGLIATO).

In LOINC 2.42, il campo MAP_TO della Tabella LOINC è stato rimosso e sostituito con una tabella MAP_TO separata. Il campo MAP_TO originale è stato creato per memorizzare il singolo numero del termine sostitutivo LOINC per quando un termine LOINC è soppresso. In seguito abbiamo appreso che ci sono stati momenti in cui non vi era più di un possibile termine sostitutivo, a seconda di determinate condizioni. Per affrontare questo problema abbiamo creato una nuova tabella MAP_TO che fu rilasciato per la prima volta con la versione 2.34. Il campo MAP_TO originale è stato mantenuto per qualche rilascio, ma è stato rimosso dalla tabella LOINC nella versione 2.42. Vedere Appendice A, Tabella 31b per informazioni sulla tabella MAP_TO.

In rari casi, abbiamo dovuto riconsiderare i termini DEPRECATI quando, dopo un'attenta, molto attenta revisione, abbiamo scoperto che i concetti sono, in effetti, validi. Tali termini torneranno a uno STATO di ATTIVO ma possono essere identificati dal valore UNDEL nel campo Chng_Type. Abbiamo scelto di non riconsiderare validi i codici in casi così rari (invece di creare nuovi termini) perché i termini DEPRECATI continuano ad essere inclusi nel database LOINC e alcuni utenti potrebbero continuare a utilizzare tali concetti o avere dati storici associati a tali codici. Se dovessimo creare nuovi codici per lo stesso concetto, utenti diversi potrebbero potenzialmente utilizzare codici diversi per identificare esattamente gli stessi dati.

11.3 Persistenza del concetto e termini dismessi

I codici LOINC non vengono mai riutilizzati o eliminati, e il significato del concetto è costante nel tempo nonostante il fatto che ci possono essere modifiche al nome (come descritto sopra). Se scopriamo che il significato di un termine LOINC è un duplicato di un altro termine esistente o è in qualche modo erroneo, vi sarà dato lo status di DISMESSO ma non sarà rimosso dal database.

In passato, quando abbiamo incontrato termini duplicati (vale a dire, termini che avevano nomi diversi ma significavano la stessa cosa), la nostra politica generale era quella di dismettere il nuovo termine. Molte volte, questa convenzione ha funzionato bene perché è più probabile che il termine precedente sia stato incorporato nei sistemi degli utenti attraverso dei mapping, ecc. Tuttavia, non è sempre stato così. A volte, il nuovo termine aveva l'etichetta più chiara, più riconoscibile e quindi era molto probabilmente il termine più mappato. Pertanto, la nostra politica attuale è quella di fare il cambiamento per richiedere (a nostro avviso) il minor numero di re-mapping per gli utenti esistenti.

La nostra politica generale non è quella di apportare modifiche a un termine una volta che viene DEPRECATO (DEPRECATED). Tuttavia, in rari casi possiamo aggiornare uno o più nomi di termini DEPRECATI in modo che possano rappresentare correttamente il significato originale del termine. Ad esempio, in LOINC 2.66, il Long Common Name per 26693-2, che ha il Component *Streptococcus pneumoniae 12f Ab*, è stato aggiornato da *Deprecated Streptococcus pneumoniae 12 Ab [Mass/volume] in Serum* a *Deprecated Streptococcus pneumoniae 12f Ab [Mass/volume] in Serum*.

11.4 Pubblicazione dei codici LOINC in anticipo rispetto alle pubblicazioni ufficiali

Supportato dal LOINC Committee, il Regenstrief ha adottato una politica di lunga data di restituzione di nuovi codici LOINC a coloro che hanno presentato la richiesta (ovvero il richiedente) non appena il termine LOINC supera i nostri processi interni di controllo qualità piuttosto che attendere il prossimo rilascio ufficiale. Il LOINC Committee ha inoltre approvato la pubblicazione da parte di Regenstrief dei nuovi codici sul sito web LOINC dopo che hanno superato il QA interno ma prima della prossima versione ufficiale. Resta inteso che fornire questi codici al richiedente ed elencarli sul sito web LOINC è fatto a solo scopo informativo, con l'ulteriore avvertimento che il concetto potrebbe cambiare prima dell'inclusione in una versione pubblica.

Non ci si dovrebbe aspettare che la comunità abbia adottato tali codici LOINC “pre-rilasciati” fino a quando non compaiono in una versione ufficiale. Tuttavia, tale approccio è prezioso perché facilita l'inclusione di nuovi codici nelle guide implementative HL7 e in altri documenti e sistemi che hanno i loro cicli di sviluppo, spesso lunghi.

12 Raccomandazioni per Best Practices nell'uso e nella mappatura verso LOINC

12.1 Regole commerciali per gli utenti che mappano i loro panel locali ai panel LOINC

Attraverso la discussione con ACLA, il S&I Framework a LOINC Order Code Initiative e altri, il LOINC Committee ha verificato una serie di regole commerciali per aiutare gli utenti di LOINC a capire come confrontare i propri panel con un panel LOINC. Queste regole aiutano a chiarire quale variazione è consentita all'interno della definizione del panel LOINC che costituisce ancora una “corrispondenza” per il loro panel. In queste regole, usiamo “elemento” per indicare un LOINC figlio che è un membro della definizione del panel.

12.1.1 Deve contenere tutti gli elementi richiesti

Per stabilire l'equivalenza (ad es. per la mappatura), un panel utente deve contenere tutti gli elementi richiesti di un panel LOINC. Alcune delle altre regole aziendali definiscono sostituzioni consentite, ma la regola generale è che tutti gli elementi richiesti devono essere presenti nel panel utente.

12.1.2 Nessuna misura primaria aggiuntiva

Un panel utente non può essere considerato equivalente a un termine del panel LOINC se contiene ulteriori test primari misurati che non fanno parte della definizione del panel LOINC.

12.1.3 Gli elementi opzionali sono opzionali

Un panel utente può essere considerato equivalente a un termine del panel LOINC indipendentemente dal fatto che contenga o meno gli elementi contrassegnati come facoltativi nella definizione del panel LOINC.

12.1.4 Sostituzioni relative al metodo

Gli elementi del panel che non contengono una specifica del metodo (ovvero la parte tipo di metodo è nulla) possono essere trattati come un termine “rappresentativo” che un utente potrebbe sostituire con un altro termine LOINC che differiva solo per la specifica del metodo.

Ad esempio, LOINC contiene un panel adenovirus:

55160-6 Adenovirus IgG and IgM panel – Serum	55160-6 Adenovirus, panel Ab.IgG & IgM - Siero
--	--

con due elementi privi di specifica del metodo:

13914-7 Adenovirus IgG Ab [Units/volume] in Serum	13914-7 Adenovirus, Ab.IgG [Unità/volume] in Siero
---	--

5042-7 Adenovirus IgM Ab [Units/volume] in Serum	5042-7 Adenovirus , Ab.IgM [Unità/volume] in Siero
--	--

Se un utente avesse un panel locale simile ma che invece avesse mappato i termini che specificavano il Metodo dell'EIA, potrebbero chiedersi se il loro panel fosse equivalente al panel in LOINC. Utilizzando questa regola aziendale, la risposta è sì. Uno o entrambi gli elementi del panel LOINC senza metodo potrebbero essere sostituiti da questi termini LOINC specifici del metodo che sono equivalenti agli altri attributi:

51822-5 Adenovirus IgG Ab [Units/volume] in Serum by Immunoassay

51822-5 Adenovirus, Ab.IgG [Unità/volume] in Siero:IA

51823-3 Adenovirus IgM Ab [Units/volume] in Serum by Immunoassay

51823-3 Adenovirus, Ab.IgM [Unità/volume] in Siero:IA

Tuttavia, quando un elemento del pannello misura un analita con un metodo particolare, il termine LOINC riportato per tale analita dovrebbe essere eseguito con quel metodo. Non sarebbe consentita la sostituzione con un termine senza metodo né con un metodo diverso.

12.1.5 Sostituzioni per Proprietà di massa contro sostanza

LOINC definisce termini diversi che distinguono tra misure di massa e di sostanza (moli/milliequivalenti) per un singolo analita. Diverse giurisdizioni variano a seconda che favoriscano la segnalazione in unità di massa (ad esempio mg/dL) o unità molari (ad esempio mmol/L) per determinati analiti.

Al fine di promuovere il riutilizzo internazionale dei panel, il comitato LOINC ha concordato (nella riunione di giugno 2015) di consentire agli utenti di sostituire gli elementi del pannello che a) concordano su tutte le altre parti LOINC e b) contengono una proprietà molare analoga a un elemento di riferimento con una proprietà di massa o viceversa.

Per illustrare, i termini dell'elemento del panel con la proprietà della concentrazione di massa (MCnc) potrebbero essere sostituiti dai termini di concentrazione della sostanza (SCnc), i termini della velocità di massa (MRat) potrebbero essere sostituiti dalla percentuale di sostanza (SRat), ecc. Ad esempio, nella panel lipidico con LDL diretto - Siero o plasma (LOINC: 57698-3) un utente potrebbe effettuare sostituzioni come di seguito e avere ancora un panel comparabile:

Reference term: 2093-3 Cholesterol [Mass/volume] in Serum or Plasma

Substitute term: 14647-2 Cholesterol [Moles/volume] in Serum or Plasma

Reference term: 2571-8 Triglyceride [Mass/volume] in Serum or Plasma

Substitute term: 14927-8 Triglyceride [Moles/volume] in Serum or Plasma

E così via.

12.1.6 Nessuna sostituzione di quantitativo per qualitativo (e viceversa)

Un elemento quantitativo del panel (ad esempio uno che ha una scala di Qn) non può essere sostituito da un termine qualitativo (ad esempio uno che ha una scala di Ord) e il panel considerato equivalente. Allo stesso modo, i termini qualitativi non possono essere sostituiti da termini quantitativi nella definizione del panel.

12.1.7 Prestare attenzione agli elementi riflessi

LOINC definisce panel diversi per i test che hanno elementi riflessi da quelli che non li hanno. Pertanto, gli utenti devono essere consapevoli dei test eseguiti come riflesso sia nei panel locali sia nella definizione LOINC. I test riflessi possono essere un singolo test, un gruppo di test o un panel di test. Un panel utente è paragonabile al panel LOINC se le specifiche del test riflesso sono le stesse.

12.1.8 Caso speciale di conteggi differenziali (comprese le convenzioni per non riportare conteggi zero)

I panel, come i conteggi delle differenze ematiche e le urine, per i quali non vengono riportati conteggi zero (ad es. Per la percentuale di cellule blastiche) presentano esplicitamente un caso speciale. Questi sono inclusi nella definizione del panel ma sono contrassegnati come condizionali (C) per segnalare che in alcune circostanze (ad esempio, quando hanno un valore pari a zero), non vengono riportati. I conteggi differenziali presentano un altro problema in quanto un determinato tipo di cellula potrebbe essere riportato come una

frazione del WBC totale e / o come un conteggio assoluto, quindi entrambe le specie sono incluse nel panel per i conteggi differenziali, ma come discusso sopra, entrambi non sono richiesti nel rapporto.

12.1.9 Panel con solo definizioni narrative degli elementi che dovrebbero contenere

Come descritto sopra, in alcuni casi speciali, come la salute pubblica e i test veterinari, LOINC può definire un termine panel mediante una definizione narrativa piuttosto che enumerare l'insieme di elementi figlio. In tali casi, l'utente deve leggere la definizione e usare il proprio giudizio professionale sul fatto che il proprio panel locale sia o meno paragonabile al panel LOINC.

12.2 Esempi di applicazione delle regole aziendali per gli utenti che mappano i loro panel locali ai panel LOINC

12.2.1 Panel di confronto: panel IgG e IgM del virus varicella zoster - Siero (LOINC: 45063-5)

Questo panel definito dall'utente è considerato comparabile poiché i test del componente sono gli stessi ed è accettabile utilizzare codici LOINC specifici del metodo per i panel definiti con codici LOINC senza metodo.

Elementi del panel LOINC		
LOINC_NUM	Long Common Name	R/O/C
8048-1	Virus Varicella zoster IgM Ab [Unità/volume] in Siero	R
8047-3	Virus Varicella zoster IgG Ab [Unità/volume] in Siero	R

Elementi del panel LOINC		
LOINC_NUM	Long Common Name	
5404-9	Virus Varicella zoster IgM Ab [Unità/volume] in Siero da Immunodosaggio	
5403-1	Virus Varicella zoster IgG Ab [Unità/volume] in Siero da Immunodosaggio	

12.2.2 Panel di confronto: panel della creatinichinasi - Siero o plasma (LOINC: 24335-2)

Questo panel definito dall'utente non è considerato comparabile poiché include due componenti aggiuntivi misurati che non si trovano nel panel LOINC.

Nota: L'inclusione di un componente opzionale nel pannello LOINC non influisce sulla comparabilità del panel definito dall'utente.

Elementi del panel LOINC		
LOINC_NUM	Long Common Name	R/O/C
2157-6	Creatine kinase [Enzymatic activity/volume] in Serum or Plasma	R
20569-0	Creatine kinase.MB/Creatine kinase.total in Serum or Plasma	R
9642-0	Creatine kinase.BB/Creatine kinase.total in Serum or Plasma	R
9643-8	Creatine kinase.MM/Creatine kinase.total in Serum or Plasma	R
5912-1	Creatine kinase isoenzymes [interpretation] in Serum or Plasma	O

Elementi del panel definito dall'utente		
LOINC_NUM	Long Common Name	
2157-6	Creatine kinase [Enzymatic activity/volume] in Serum or Plasma	
20569-0	Creatine kinase.MB/Creatine kinase.total in Serum or Plasma	
9642-0	Creatine kinase.BB/Creatine kinase.total in Serum or Plasma	
9643-8	Creatine kinase.MM/Creatine kinase.total in Serum or Plasma	
26020-8	Creatine Kinase.macromolecular type 2/Creatine kinase.total in Serum or Plasma	
26019-0	Creatine Kinase.macromolecular type 1/Creatine kinase.total in Serum or Plasma	

12.2.3 Panel di confronto: panel Droghe di abuso 5 - Urina con metodo Screening (LOINC: 65750-2)

Questo panel definito dall'utente è considerato comparabile poiché i componenti utilizzano gli stessi termini LOINC specifici del metodo e il test aggiuntivo è un componente non misurato (ovvero, è una variabile fornita dal richiedente a cui viene fatto eco con i risultati) .

Elementi del panel LOINC		
LOINC_NUM	Long Common Name	R/O/C
19261-7	Amphetamines [Presence] in Urine by Screen method	R
14314-9	Benzoyllecgonine [Presence] in Urine by Screen method	R
18282-4	Cannabinoids [Presence] in Urine by Screen method	R
19295-5	Opiates [Presence] in Urine by Screen method	R
19659-2	Phencyclidine [Presence] in Urine by Screen method	R

Elementi del panel definito dall'utente	
LOINC_NUM	Long Common Name
19261-7	Amphetamines [Presence] in Urine by Screen method
14314-9	Benzoyllecgonine [Presence] in Urine by Screen method
18282-4	Cannabinoids [Presence] in Urine by Screen method
19295-5	Opiates [Presence] in Urine by Screen method
19659-2	Phencyclidine [Presence] in Urine by Screen method
41395-5	Collection date of Urine

12.3 Interrogare LOINC e creare definizioni di value set intensionali basati sulla struttura del database LOINC

Specifiche che contengono le query pensate per essere eseguite sulla distribuzione LOINC o che contengono definizioni di set di valori intensionali devono essere espresse con le proprietà LOINC contenute nell'appendice A - struttura del database LOINC. (Nelle rappresentazioni JSON come FHIR di HL7, l'attributo LOINC funge da chiave nella definizione della proprietà di un oggetto. Da non confondere con la nozione LOINC di Proprietà, in JSON, una coppia chiave-valore viene spesso definita come una proprietà). Le proprietà LOINC disponibili sono le voci elencate nella colonna 'Nome Campo' di questa tabella. Gli attributi LOINC disponibili sono gli elementi elencati nella colonna Nome campo di quella tabella. A meno che Regenstrief non pubblichi diversamente una specifica definitiva (vedere la discussione della rappresentazione canonica LOINC in FHIR di seguito), questi nomi, e il loro spelling, sono i nomi di proprietà ufficiali. Ad esempio, specificare il set di termini LOINC con scala di documento, farebbe riferimento alla proprietà LOINC "SCALA_TYP" e il suo valore di "DOC".

Inoltre, per i codici LOINC che fanno parte della Document Ontology quelli che sono codici di procedura di radiologia, ci sono altri attributi che possono essere usati nei componenti di Definizione del set di valori basati su attributi. Tutti gli attributi avranno valori stringa che possono essere utilizzati per la parte valore dell'attributo (proprietà) della definizione. Alcuni avranno anche identificatori codificati (ad esempio codici delle parti LOINC) che possono essere utilizzati in aggiunta alla stringa.

Per la Document Ontology:

- Document.Kind
- Document.TypeOfService
- Document.Setting
- Document.Role
- Document.SubjectMatterDomain

Queste proprietà della Document Ontology sono attualmente pubblicate nel file ausiliario della Document Ontology (disponibile come download separato dal sito LOINC), e probabilmente sarà esteso in futuro. Saranno sempre i valori univoci nella colonna PartTypeName del file della Document Ontology. A partire

dalla versione 2.61 di LOINC, questi sono anche pubblicati nell'artefatto File Parti LOINC (disponibile anche come download separato).

Per Radiologia:

- Rad.Guidance for.Presence
- Rad.Guidance for.Approach
- Rad.Guidance for.Action
- Rad.Guidance for.Object
- Rad.View.Aggregation
- Rad.View.View type
- Rad.Reason for Exam
- Rad.Maneuver.Maneuver type
- Rad.Timing
- Rad.Pharmaceutical.Substance Given
- Rad.Pharmaceutical.Route
- Rad.Anatomic Location.Region Imaged
- Rad.Anatomic Location.Laterality.Presence
- Rad.Anatomic Location.Laterality
- Rad.Anatomic Location.Imaging Focus
- Rad.Modality.Modality type
- Rad.Modality.Modality subtype
- Rad.Subject

Questi attributi di radiologia sono pubblicati nel campo PartTypeName sia del file del libretto di radiologia LOINC / RSNA sia del LOINC Part File. Entrambi questi artefatti sono disponibili come download separato dal sito web LOINC.

12.3.1 Rappresentazione canonica di LOINC come sistema di codice FHIR

Insieme al team HL7 FHIR®, stiamo lavorando per creare una specifica per la rappresentazione canonica di LOINC in FHIR come risorsa CodeSystem. Si tratta di un lavoro in corso. Una bozza iniziale di tale specifica è disponibile su <https://loinc.org/fhir/loinc.xml>.

Questa specifica è propria di HL7 FHIR® e le definizioni degli attributi LOINC sostituiscono la guida generale sui nomi degli attributi (proprietà) indicati sopra. Ad esempio, nella rappresentazione canonica per FHIR, l'attributo LOINC della radiologia Rad.View.Aggregation sarà nominato più vicino alle convenzioni per i nomi delle proprietà in stile FHIR come “rad-view-aggregation”.

12.4 Il sistema di codice per identificatori assegnati da LOINC

Tutti gli identificatori assegnati da LOINC, inclusi i codici LOINC, i codici delle parti (ovvero i codici LP *), i codici di risposta (ovvero i codici LA *), i codici dell'elenco di risposte (ovvero i codici LL *) e i codici di gruppo (ovvero i codici LG) appartengono collettivamente al sistema di codice LOINC. A seconda della tecnologia o dell'applicazione, è possibile identificare il sistema di codice in diversi modi.

Ad esempio, nella versione 2 di HL7 sarebbe in genere l'abbreviazione "LN", nei documenti CDA sarebbe un OID (2.16.840.1.113883.6.1) e in FHIR sarebbe l'URI "http://loinc.org".

12.5 Nomi dei termini LOINC nei messaggi HL7

Standard di messaggistica come HL7 utilizzano in genere una tripletta <codice di identificazione>^<testo descrittivo>^<sistema di codifica> per i campi che contengono voci codificate, come ad esempio il campo OBX-3 Osservazione Identifier. Dato che LOINC ora produce almeno 3 nomi per ogni termine (vale a dire, il Fully-Specified Name in sei parti, Short Name, and Long Common Name), gli utenti si sono chiesti quale denominazione LOINC dovrebbero usare nel <testo descrittivo> parte di quel campo (o l'attributo displayName equivalente in HL7 V3).

Regenstrief e il LOINC Committee affermano che la migliore pratica è quella di inviare il Long Common Name per accompagnare il codice LOINC nella messaggistica. Il Long Common Name è completo, inequivocabile e la descrizione LOINC più comprensibile per i lettori umani.

Riconosciamo che oggi potrebbero esserci ancora alcuni sistemi di informazione che non sono in grado di accogliere la lunghezza dei caratteri del Long Common Name. Raccomandiamo vivamente di aggiornare tali sistemi per adattarsi a nomi più lunghi. Lo Short Name LOINC è di dimensioni più ridotte, ma non molto familiare per le persone e non è popolato per tutti i termini LOINC. (Stiamo lavorando per migliorare su entrambi queste questioni). Utilizzare il nome interamente specificato (es., un aggregato separata da due punti del nome in sei parti) non è consigliato perché non è molto facile da usare e contiene più istanze di ‘caratteri riservati’ come “^” e “&”, che dovrebbero essere evitati nel messaggio.

Inoltre, si consiglia la comunicazione simultanea del codice locale e nome locale del mittente (in aggiunta al codice e nome LOINC) come consentito nella struttura di messaggistica per facilitare il debugging e il rilevamento di errori di mapping. Spesso i codici locali di laboratorio devono essere inviati dal laboratorio che esegue per soddisfare i requisiti normativi di accreditamento CLIA (USA) e di laboratorio in molti paesi.

Vale anche la pena notare che l'uso del Long Common Name nella messaggistica non determina quale nome del test viene visualizzato nelle interfacce utente per i medici. Esistono spesso requisiti normativi e/o politiche locali che influenzano ciò che viene mostrato ai medici. Molte delle implementazioni in tutto il mondo che utilizzano LOINC hanno un “nome di interfaccia” locale che gli utenti vedono. LOINC sta lavorando in background.

12.6 Aggiornamento a nuove versioni di LOINC

Alla riunione del Lab LOINC Committee del dicembre 2015. Regenstrief e il comitato LOINC hanno approvato le seguenti migliori pratiche: raccomandiamo agli utenti di aggiornare alla versione corrente di LOINC entro 90 giorni dalla sua pubblicazione.

12.7 Utilizzo di URI per identificare artefatti LOINC

Nel contesto di RDF, OWL e altre tecnologie, gli URI sono il tipo previsto di identificatori. Alcuni utenti LOINC hanno richiesto una convenzione approvata per fare riferimento agli identificatori creati da LOINC (ad es. Codici LOINC, codici dell'elenco di risposte LOINC, codici delle stringhe di risposta LOINC, ecc.). Qui descriviamo i modelli approvati per l'uso.

Questa è un'area di discussione attiva.

12.7.1 Utilizzo di un URI per identificare LOINC come sistema di codice

In HL7 FHIR®, i sistemi di codice sono identificati dagli URI. Come descritto nella sezione su LOINC come sistema di codice, l'URI raccomandato a tal fine è: <http://loinc.org>

12.7.2 Utilizzo di un URI per identificare i concetti LOINC come risorse in RDF

L'oggetto di un'istruzione RDF è un Uniform Resource Identifier (URI) o un nodo vuoto. Dopo la discussione alla riunione del Clinical LOINC Committee nell'agosto 2015, abbiamo concordato i seguenti schemi:

Per i termini LOINC:

<http://loinc.org/rdf/{LOINC code}>
ad es., <http://loinc.org/rdf/2352-3>

Per le Parti LOINC:

<http://loinc.org/rdf/{LOINC Part code}>
ad es., <http://loinc.org/rdf/LP6990-8>

Nella nostra piattaforma attuale, gli URL di questi pattern si risolvono nelle pagine dei dettagli del concetto (come utilizzate da search.loinc.org e RELMA).

Nota: le versioni precedenti dello standard FHIR elencavano il modello LOINC preferito come <http://loinc.org/owl>. L'attuale versione di FHIR ha aggiornato le linee guida per renderle coerenti con le nostre raccomandazioni contenute in questo documento.

12.7.3 Utilizzo di un URI per identificare i concetti LOINC come set di valori

In alcuni contesti, le parti LOINC, gli elenchi di risposte LOINC e i gruppi LOINC rappresentano insiemi di valori. LOINC rappresenta la Gerarchia multiassiale come un albero in cui le Parti LOINC comprendono tutti i rami nei termini LOINC e comprendono tutti i nodi foglia. Gli elenchi di risposte LOINC rappresentano raccolte di concetti codificati che possono essere utilizzati come valori di risposta ai termini LOINC. I gruppi LOINC aggregano un insieme di termini LOINC che condividono determinate caratteristiche. In questi casi, LOINC definisce una serie di valori impliciti associati al codice (ad esempio un codice LP *, un codice LL * o un codice LG *).

Qui definiamo una convenzione per rendere esplicito quando ti riferisci a queste entità come a) un codice nella terminologia oppure b) il set di valori impliciti associato al codice.

Quando si fa riferimento al codice stesso, seguire il consueto modello di identificatori di riferimento dal sistema di codici LOINC.

Quando si fa riferimento al set di valori impliciti, utilizzare questo modello per l'identificatore del set di valori come URI: <http://loinc.org/vs/{id}>

Per le parti LOINC:

<http://loinc.org/vs/{LOINC Part code}>
ad es., <http://loinc.org/vs/LP148409-8>

Per le liste di risposte LOINC:

<http://loinc.org/vs/{LOINC Answer List code}>
ad es., <http://loinc.org/vs/LL715-4>

Per i gruppi LOINC:

<http://loinc.org/vs/{LOINC Group code}>
ad es., <http://loinc.org/vs/LG9568-9>

Appendice A – Struttura database LOINC

Tabella 31a: Struttura Tabella LOINC			
Nome campo	Tipo	Larghezza	Descrizione
1. LOINC_NUM	Testo	10	Il codice LOINC unico è una stringa con la forma nnnnnnnn-n.
2. COMPONENT	Testo	255	Primo asse principale componente o analita
3. PROPRIETÀ	Testo	255	Secondo asse principale proprietà osservata (ad es. Massa vs. sostanza)
4. TIME.ASPCT	Testo	255	Terzo asse- principale tempo della misura (ad es. Punto temporale vs 24 ore)
5. SYSTEM	Testo	255	Quarto asse principale tipo di campione o system (ad es. Siero vs urina)
6. SCALA_TYP	Testo	255	Quinto asse principale scala di misura (ad es. Qualitativa vs. quantitativa)
7. METODO_TYP	Testo	255	Sesto asse principale metodo di misurazione
8. CLASS	Testo	255	Una classificazione arbitraria dei termini per il raggruppamento di osservazioni affini. Le classificazioni attuali sono elencate nella Tabella 32. Gli utenti del database possono sentirsi liberi di ri-ordinarlo in qualunque modo ritengano utile, e/o aggiungere i propri campi di classificazione. Il contenuto delle sottoclassi per test di laboratorio dovrebbero risultare chiare dal nome della sottoclasse.
9. VersionLastChanged	Testo	255	Il numero di versione LOINC in cui il record è stato modificato l'ultima volta. Per i record che non sono mai stati aggiornati dopo il loro rilascio, questo campo conterrà lo stesso valore del campo loinc.VersionFirstReleased.
10. CHNG_TYPE	Testo	255	Cambiamento codice per tipo DEL = Eliminare (deprecare); ADD = Aggiungere; NAM = cambiamento a Analita/Componente (campo#2); MAJ = cambiamento a nome campo diverso da #2 (#3-#7); MIN = cambiamento ad un campo che non è quello del nome; UND = undelete -cancellazione dell'eliminazione.
11. DefinitionDescription	Promemoria	-	Testo narrativo che descrive il termine LOINC preso nel suo insieme (ovvero, prendendo tutte le parti del termine insieme) o trasmette informazioni specifiche del termine, come il contesto in cui è stato richiesto il termine o la sua utilità clinica.
12. STATUS	Testo	255	ATTIVO = Il concetto è attivo. Usa come ritieni.. PROVA = Il concetto è di natura sperimentale. Usare con cautela poiché il concetto e gli attributi associati possono cambiare. SCONSIGLIATO = Il concetto non è raccomandato per l'uso corrente. Nuove mappature a questo concetto sono scoraggiate; sebbene le mappature esistenti possano continuare a essere valide nel contesto. Ove possibile, il concetto di sostituzione è indicato nel campo MAP_TO nella tabella MAP_TO (vedere la Tabella 31b) e deve essere utilizzato al suo posto. DEPRECATO = Il concetto è deprecato. Il concetto non dovrebbe essere usato, ma è conservato in LOINC per scopi storici. Ove possibile, il concetto di sostituzione è indicato nel campo MAP_TO (vedere la Tabella 31b) e dovrebbe essere utilizzato sia per nuove mappature che per l'aggiornamento di implementazioni esistenti

13. CONSUMER-NAME	Testo	255	Un nome sperimentale (beta) di facile uso per questo elemento. Lo scopo è quello di fornire un nome test che sia riconoscibile per l'utenza di cure sanitarie. Sarà simile ai nomi che possono apparire in un referto di laboratorio, e non se ne garantisce l'unicità perché è probabile che alcuni elementi del nome LOINC saranno omessi. Continueremo a modificare questi nomi nelle versioni future di LOINC, quindi non è il caso di aspettare che sia stabile (o perfetto). Apprezziamo eventuali riscontri nel merito.
14. CLASSTYPE	Numero	-	1= Classe di laboratorio 2=Classe clinica 3=Claims attachments 4=Indagini
15. FORMULA	Promemoria	-	Contiene la formula in forma leggibile, per calcolare il valore di qualsiasi misura che si basa su una formula algebrica o altra formula eccetto quelli per cui il componente esprime la formula. Così, sodio/creatinina non ha bisogno di una formula, ma indice di T3 libero sì.
16. SPECIES	Testo	20	Codici che indicano a quali specie non umane il termine si applica. Se il campo è vuoto, si assume che si tratti di "umano".
17. EXMPL_ANSWERS	Promemoria	-	Per alcuni test e misure, abbiamo fornito esempi di risposte valide, come ad es., "1.64", "negativi @ 1:16" o "55".
18. SURVEY_QUEST_TXT	Promemoria	-	Domanda, parola per parola, dallo strumento di indagine.
19. SURVEY_QUEST_SRC	Testo	50	Nome esatto dello strumento di indagine e il numero della voce/domanda.
20. UNITSREQUIRED	Testo	1	Campo SI/NO che indica che delle unità sono necessarie quando questo LOINC viene incluso come segmento OBX in un allegato HIPAA.
21. SUBMITTED_UNITS	Testo	30	Unità come ricevute dalla persona che ha richiesto questo termine LOINC
22. RELATEDNAMES2	Memo	-	Questo è un nuovo campo introdotto con la versione 2.05. Contiene sinonimi per ciascuna delle parti del nome LOINC interamente specificato. (componente, proprietà, tempo, system, scala, metodo).
23. SHORTNAME	Testo	255	Introdotto nella versione 2.07, questo campo contiene la forma abbreviata del nome LOINC e viene creato tramite un processo algoritmico guidato da una tabella. Il nome breve spesso include abbreviazioni e acronimi.
24. ORDER_OBS	Testo	15	Definisce il termine come solo ordine, solo osservazione o tutte e due. Una quarta categoria, Subset, viene usata per termini che sono dei subset di un panel, ma che non rappresentano un pacchetto conosciuto come ordinabile. Li abbiamo definiti solo per facilitare il mantenimento dei panel o altri set all'interno del costruito LOINC. Questo campo riflette la nostra migliore approssimazione dell'uso previsto del termine; non è da ritenersi normativo né una risoluzione vincolante.
25. CDISC_COMMON_TESTS	Testo	1	In questo campo "Y" indica che il termine fa parte di un subset di termini usati da CDISC in prove cliniche.
26. HL7_FIELD_SUBFIELD_ID	Testo	50	Un valore in questo campo indica che il contenuto dovrebbe essere consegnato nel campo/sottocampo denominato nel messaggio HL7. Quando NULLO, i dati per questo elemento di dato dovrebbe essere spedito in un segmento OBX con questo codice LOINC registrato in OBX-3 e il valore nel OBX-5.
27. EXTERNAL_COPYRIGHT_NOTICE	Promemoria	-	Avviso relativo a questo codice LOINC da parte dei detentori esterni dei diritti d'autore.

28. EXAMPLE_UNITS	Testo	255	Questo campo viene riempito con le unità dei presentatori (submitters) e le unità che ci sono state mandate dalle persone. Ha lo scopo di mostrare agli utenti delle unità che sono rappresentative ma non necessariamente consigliate in cui dati potrebbero essere spediti per questo termine.
29. LONG_COMMON_NAME	Testo	255	Questo campo contiene il termine LOINC in un formato più leggibile rispetto al nome pienamente specificato. I nomi comuni lunghi sono stati creati tramite un processo di table driven algoritmo. La maggior parte delle abbreviazioni e acronimi usati nella database LOINC sono stati spiegati chiaramente in inglese.
30. UnitsAndRange	Promemoria	-	Unità di misura (esprese utilizzando unità UCUM) e intervalli normali per quantità fisiche e punteggi dell'indagine. Destinato a set di avvio su misura per le applicazioni che utilizzano i moduli LOINC come mezzo per acquisire dati. Le unità sono separate dai normali intervalli da due punti (:) e insieme di unità di coppie di intervalli normali sono separate da un punto e virgola (;). La sintassi per l'intervallo normale include parentesi quadre, il che significa che è incluso il numero adiacente alla parentesi e la parentesi, il che significa che il numero stesso non è incluso. Ad esempio, [2,4] significa "da due a quattro", mentre [2,4) significa "da due a meno di quattro" e (2,4) significa "tra due e quattro ma non include due e quattro"
31. EXAMPLE_UCUM_UNITS	Testo	255	Il Codice Unificato per le Unità di Misura (UCUM) è un sistema di codificazione che mira ad includere tutte le unità di misure in uso nella scienza contemporanea internazionale, ingegneria, e il commercio (unitsofmeasure.org). Questo campo contiene unità di misura esempio per questo termine esprese come unità UCUM.
32. EXAMPLE_SI_UCUM_UNITS	Testo	255	Il Codice Unificato per le Unità di Misura (UCUM) è un sistema di codifica destinato a <i>tutte</i> le unità di misure attualmente in uso nel campo della scienza internazionale, l'ingegneria e degli affari. (www.unitsofmeasure.org) Questo campo contiene esempi di unità di misura per questo termine espresso in unità SI UCUM.
33. STATUS_REASON	Testo	9	Classificazione della ragione per il concept-status. Questo campo sarà Null per i concetti ACTIVE, e opzionalmente popolata per i termini in altro stato dove la ragione è chiara. I termini DEPRECATED o DISCOURAGED possono assumere i valori di: AMBIGUOUS, DUPLICATE, o ERRONEOUS.
34. STATUS_TEXT	Promemoria	-	Spiegazione del concept-status nel testo narrativo. Questo campo sarà Null per i concetti ACTIVE, e opzionalmente popolata per i termini con qualsiasi altro status.
35. CHANGE_REASON_PUBLIC	Promemoria	-	Spiegazione dettagliata riguardo le modifiche speciali al termine nel corso del tempo.
36. COMMON_TEST_RANK	Numero	-	Ranking di circa 2000 test comuni eseguiti da laboratori negli Stati Uniti.
37. COMMON_ORDER_RANK	Numero	-	Ranking di circa 300 ordini comuni eseguiti da laboratori negli Stati Uniti.
38. COMMON_SI_TEST_RANK	Numero	-	Termini corrispondenti SI per 2000 test comuni eseguiti da laboratori in USA
39. HL7_ATTACHMENT_STRUCTURE	Testo	15	Questo campo sarà popolato in collaborazione con i HL7 Attachments Work Group, come descritto nell'HL7 Attachment Specification: Supplement to Consolidated CDA Templated Guide. Il testo sarà STRUTTURATO o NON-STRUTTURATO per i termini rilevanti. A partire dalla versione 2.58, il testo sarà "IG exists" (precedentemente STRUTTURATO) o "No IG exists" (precedentemente NON STRUTTURATO) per i termini pertinenti. I termini "IG exists" sono quelli che hanno guide all'implementazione HL7 clinicamente rilevanti che utilizzano il Realm Header del degli Stati Uniti. I termini "No IG exists" sono approvati dall'HL7 Attachments Work Group per la trasmissione utilizzando il modello di Documento Non-strutturato del C-CDA.

40. EXTERNAL_COPYRIGHT_LINK	Testo	255	Per i termini che hanno un copyright di terze parti, questo campo viene popolato con COPYRIGHT_ID dalla tabella Source Organization table (vedere la Tabella 31c di seguito). Collega una dichiarazione di copyright esterna a un termine.
41. PanelType	Testo	50	Descrive un panel "Convenience group", "Organizer" o "Panel". Un "Panel" è un insieme enumerato di termini che vengono usati insieme nelle cure cliniche dirette. Il pacchetto viene generalmente considerato come un singolo articolo ordinabile che contiene una serie di osservazioni riportate. Un "Convenience group" è un insieme elencato di termini utilizzati per uno scopo comune, ma in genere non è ordinabile come singola unità. Un "Organizer" è un panel secondario (ovvero un figlio) all'interno di un altro panel che viene utilizzato solo per raggruppare un insieme di termini, ma non è un'entità utilizzata in modo indipendente. Spesso rappresentano un'intestazione in un modulo o fungono da concetto di navigazione.
42. AskAtOrderEntry	Testo	255	Un elenco multi-valore, delimitato da punti e virgola, di codici LOINC che rappresentano le osservazioni facoltative Ask at Order Entry (AOE) per un'osservazione clinica o un test di laboratorio. Un termine LOINC in questo campo può rappresentare una singola osservazione AOE o un panel contenente diverse osservazioni AOE.
43. AssociatedObservations	Testo	255	Un elenco multi-valore, delimitato da punti e virgola, di codici LOINC che rappresentano le osservazioni associate opzionali per un'osservazione clinica o un test di laboratorio. Un termine LOINC in questo campo può rappresentare una singola osservazione o panel associato contenente diverse osservazioni associate.
44. VersionFirstReleased	Testo	255	Il numero di versione LOINC in cui il record è stato rilasciato per la prima volta. Per i record più vecchi in cui è noto il numero della versione rilasciata, questo campo sarà nullo.
45. ValidHL7AttachmentRequest	Testo	50	Un valore di "Y" in questo campo indica che questo codice LOINC può essere inviato da un ordinante come parte di una richiesta per ulteriori informazioni allegata in HL7.

Tabella 31b: Struttura Tabella MAP_TO

Nome campo	Tipo	Larghezza	Descrizione
1. LOINC	Text	10	Il termine soppresso al quale il termine(i) di sostituzione si riferisce.
2. MAP_TO	Text	10	Un termine di sostituzione che deve essere usato al posto del termine soppresso o sconsigliato.
3. COMMENT	Memo	-	Testo narrativo che spiega la ragione per cui si usi il termine di sostituzione consigliato.

Tabella 31c: Struttura Tabella Organizzazione delle Risorse

Nome campo	Tipo	Larghezza	Descrizione
1. ID	Numero	-	Un identificatore numerico univoco per la risorsa. Questo identificatore non ha alcun significato al di fuori di LOINC.
2. COPYRIGHT_ID	Text	255	Usato nella tabella LOINC come chiave esterna.
3. NAME	Text	255	Nome dell'organizzazione o ente.
4. COPYRIGHT	Memo	-	Nota di copyright da mettere in evidenza per l'organizzazione o ente.
5. TERMS_OF_USE	Memo	-	Testo dei termini d'uso per una fonte esterna.
6. URL	Text	255	Link URL al riferimento.

Appendice B – Classi

Tabella 32a: Classi per termini clinici	
Abbreviazione	Classe termine clinico
ADMIN	Amministrativo
ADMIN.DEMOG	Demografia
ADMIN.STRUTTURA	Struttura
ADMIN.ID	Numero di identificazione
ADMIN.PAZIENTE	Paziente
ADMIN.PAZIENTE.DEMOG	Dati demografici del paziente
ADMIN.PAZIENTE.ID	Numero di identificazione del paziente
APTA	American Physical Therapy Association - Associazione Americana di Fisioterapia
TAR	Terapia antiretrovirale
AUDIO	Audiologia
CORPO_CIRCONFERENZA.ATOM	Circonferenza del corpo – atomica
CORPO_CIRCONFERENZA.MOLEC	Circonferenza del corpo – molecolare
CORPO_ALTEZZA.ATOM	Altezza del corpo – atomica
CORPO_ALTEZZA.MOLEC	Altezza del corpo – molecolare
CORPO_SUPERFICIE.ATOM	Superficie del corpo – atomica
CORPO_TEMPERATURA.ATOM	Temperatura del corpo – atomica
CORPO_TEMPERATURA.MOLEC	Temperatura del corpo – molecolare
CORPO_TEMPERATURA.CRONO.MOLEC	Temperatura del corpo – cronometrato-molecolare
CORPO_PESO.ATOM	Peso del corpo – atomico
CORPO_PESO.MOLEC	Peso del corpo – molecolare
PA.ATOM	Pressione arteriosa – atomica
PA.CENT.MOLEC	Pressione arteriosa – centrale-molecolare
PA.MOLEC	Pressione arteriosa – molecolare
PA.POSIZ.MOLEC	Pressione arteriosa – posizione-molecolare
PA.CRONO.MOLEC	Pressione arteriosa – cronometrato-molecolare
PA.VENOSA.MOLEC	Pressione arteriosa – venosa-molecolare
CARD	Cardiologia
CARD.PROC	Procedure cardiache
CARD.RISCHIO	Framingham Cardiac Risk
CARD.ECO	Ecografia cardiaca
CARD.ECO.DICOM	DICOM Simplified Adult Echo Report concepts
CARDIO-PULM	Cardiopulmonare
CLIN	NEC clinico (non classificato altrove)
CLIN.RISCHIO	Rischio clinico
CLINTRIAL	Trials clinici
ODONTOIATRIA	Odontoiatria
DISPOSITIVI	Dispositivi medici
DOC.EPSOS	Documenti (epSOS) Smart Open Services for European Patients
DOC.MISC	Documentazione miscellanea
DOC.ONTOLOGIA	Documentazione dell'ontologia
DOC.SANITA_PUBBLICA	Documentazione sanità pubblica
DOC.QUALITA	Documenti di qualità
DOC.RIFERIMENTO	Documentazione di riferimento
DOC.RIF.PROTOCOLLO PROVA CLINICA	Documento di protocollo di prova clinica
DOCUMENT.NORMATIVA	Documentazione normativa
PS	Emergenza (DEEDS - Data Elements for Emergency Department Systems – Dati per Sistemi di Pronto Soccorso)
ECG.ATOM	Elettrocardiogramma – atomica
ECG.IMP	Elettrocardiogramma – impressione
ECG.MISURAZ	Elettrocardiogramma – misurazioni
ENDO.GI	Endoscopia gastrointestinale
OCCHIO	Occhio
OCCHIO.ANGIO.NEI	Concetti di angiografia NEI eyeGENE

OCCHIO.LENTI A CONTATTO	Oftalmologia – lenti a contatto
OCCHIO.EOG.NEI	Concetti di elettrooculogramma NEI eyeGENE
OCCHIO.ERG.NEI	Concetti di elettroretinografia NEI eyeGENE
OCCHIO.OCCHIALI	Oftalmologia – occhiali; Produttore di lenti (PL) e prescrizione
OCCHIO.ETEROFORIA	Oftalmologia – eteroforia
OCCHIO.STORIA.NEI	Concetti storia NEI eyeGENE
OCCHIO.OCT	Oftalmologia – Tomografia ottica a coerenza di fase (OCT)
OCCHIO.RISULTATI ESAMI	Oftalmologia – risultati di esami clinici
OCCHIO.RISULTATI ESAMI.NEI	Concetti di esami fisici oculistici NEI eyeGENE
OCCHIO.RIFRAZIONE	Oftalmologia – rifrazione
OCCHIO.RIFRAZIONE.NEI	Concetti rifrazione NEI eyeGENE
OCCHIO.TERAPIA_RETINA	Oftalmologia –trattamenti
OCCHIO.LAMPADAAFESSIONE.NEI	Concetti biomicroscopia lampada a fessura NEI eyeGENE
OCCHIO.TONOMETRIA	Oftalmologia – tonometria
OCCHIO.TONOMETRIA.NEI	Concetti tonometria NEI eyeGENE
OCCHIO.ECO	Oftalmologia – ecografia
OCCHIO.CAMPO_VISIVO	Oftalmologia – campo visivo
OCCHIO.CAMPO_VISIVO.NEI	Concetti campo visivo NEI eyeGENE
FUNZIONE	Status funzionale (es., Glasgow)
GEN.ECO	Ecografia generale
GI	Gastroenterologia
ANAMNESI	Anamnesi
ESAME OBIETTIVO	Esame obiettivo
PROCEDURA CHIRURGICA	Procedura chirurgica
EMODINAMICA.ATOM	Emodinamica - anatomica
EMODINAMICA.MOLEC	Emodinamica - molecolare
HL7.CCDA	HL7 Consolidated Clinical Document Architecture
FREQ_CARDIACA.ATOM	Frequenza cardiaca – atomica
FREQ_CARDIACA.MOLEC	Frequenza cardiaca – molecolare
FREQ_CARDIACA.POSIZ.MOLEC	Frequenza cardiaca – ortostatica- molecolare
FREQ_CARDIACA.CRONO.MOL	Frequenza cardiaca – cronometrata-molecolare
IEEE ROSETTA	IEEE Rosetta
ENTRATA_USCITA.TUBO	Entrata/uscita tubo
ENTRATA_USCITA.ATOM	Entrata/uscita atomica
ENTRATA_USCITA.INFUS	Misure di aspirazione della pompa di infusione
ENTRATA_USCITA.MOLEC	Entrata/uscita molecolare
ENTRATA_USCITA.SINTESI	Entrata/uscita – sintesi
ENTRATA_USCITA.CRONO.MOLEC	Entrata/uscita – cronometrata-molecolare
ENTRATA_USCITA_ELETTROLITI+CALORIE	Entrata/uscita – elettroliti e calorie
ENTRATA_USCITA.ATOM	Entrata/uscita – atomica
ENTRATA_USCITA.MOLEC	Entrata/uscita – molecolare
ENTRATA_USCITA.CRONO.MOLEC	Entrata/uscita – cronometrata-molecolare
FARMACI	Farmaci
NEMESIS	National EMS Information System data - dati del Sistema Informativo del Servizio di Pronto Soccorso Nazionale
NEONAT	Misurazioni neonatali
NEURO	Neurologia
NIH.COGNITIVO	NIH – funzione cognitiva
NIH.MOTORIO	NIH – funzione motoria
NIH.SENSORIALE	NIH – funzione sensoriale
NUTRIZIONE&DIETETICA	Nutrizione e Dietetica
OSTETRICIA.ECO	Ecografia ostetrica
OST_GIN	Ostetricia/Ginecologia
ONCOLOGIA	Oncologia
PANEL.ADMIN	Panel informazioni amministrative
PANEL.APTA	Panel APTA (Associazione Americana di Fisioterapia)
PANEL.TAR	Panel terapia antiretrovirale
PANEL.TEMPERATURA CORPO	Set di prescrizione per temperatura corporea
PANEL.PA	Set di prescrizione per pressione arteriosa

PANEL.CARDIACO	Set di prescrizione per studi cardiaci
PANEL.CLIN	Set clinico NEC (non classificato altrove)
PANEL.CLIN.RISK	Panel di rischio clinico
PANEL.CV	Set di prescrizione cardiovascolare
PANEL.DISPOSITIVI	Set di prescrizione dispositivi medici
PANEL.DOC	Panel documentazione
PANEL.PS	Set di prescrizione pronto soccorso (DEEDS)
PANEL.OCCHIO	Panel oftalmologia
PANEL.FUNZIONE	Set di prescrizione funzione
PANEL.ANAMNESI E ESAME OBIETTIVO	Set di prescrizione per anamnesi e esame obiettivo
PANEL.HL7.CCDA	Panel HL7 CCDA
PANEL.IEEE ROSETTA	Panel IEEE Rosetta
PANEL.ENTRATA_USCITA	Set di prescrizione entrata/uscita
PANEL.FARMACI	Panel farmaci
PANEL.NEMESIS	Set di dati del Sistema Informativo del Servizio di Pronto Soccorso Nazionale
PANEL.NEONATALE	Set di prescrizione neonatale
PANEL.NIH.COGNITIVO	Panel NIH – funzione cognitiva
PANEL.NIH.MOTORIO	Panel NIH – funzione motoria
PANEL.NIH.SENSORIALE	Panel NIH – funzione sensoriale
PANEL.NUTRIZIONE&DIETETICA	Panel nutrizione e dietetica
PANEL.OSTETRICA.ECO	Set di prescrizione per ostetricia
PANEL.ONCO	Panel di oncologia
PANEL.SICUREZZA PAZIENTE	Set di prescrizione per sicurezza paziente
PANEL.PHENX	Panel PhenX
PANEL.PRESCRIZIONE_CARTELLA CLINICA	Set di prescrizione cartella clinica pubblica
PANEL.POLMONARE	Set di prescrizione polmonare
PANEL.RADIOLOGIA	Set di prescrizione radiologia
PANEL.CHIRURGIA	Panel di chirurgia
PANEL.TRAUMA	Panel per trauma
PANEL.REGISTRO TUMORI	Set di prescrizione registro tumori
PANEL.UPDRS	Panel Unified Parkinson's Disease Rating Scale
PANEL.ECO.UROLOGIA	Set di prescrizione ecografia urologica
PANEL.VACCINAZIONE	Set di prescrizione per vaccinazione
PANEL.PARAMETRI VITALI	Set di prescrizione parametri vitali
SICUREZZA DEL PAZIENTE	Sicurezza del paziente
PHENX	PhenX
SANITA_PUBBLICA	Sanità pubblica
POLMONARE	Gestione ventilazione polmonare
RADIOLOGIA	Radiologia
RESP.ATOM	Respiratorio – atomico
RESP.MOLEC	Respiratorio – molecolare
RESP.CRONO. MOLEC	Respiratorio – cronometrato-molecolare
PIEGHE_CUTANEE.MOLEC	Pieghe cutanee – molecolare
CHIRURGIA	Chirurgia
TRAUMA	Trauma
TRAPIANTO.ORGANO	Trapianto organo
REGISTRO TUMORI	Registro tumori
ECO.UROLOGIA	Ecografia urologica
VACCINAZIONI	Vaccinazioni
VOLUME.MOLEC	Volume (campione) – molecolare

Tabella 32b: Classi dei Termini di laboratorio	
Abbreviazione	Classe termine laboratorio
SUSC ANTIB	Suscettibilità agli antibiotici
ALLERGIA	Risposta agli antigeni
BANCA DEL SANGUE	Banca del sangue
BANCA DEL SANGUE.GENOTIPIZZAZIONE	Genotipizzazione banca del sangue

CELLMARK	Modelli di superficie cellulare
PROVOCAZIONE	Test di provocazione
PROVOCAZIONE.ROUTINE	Test di provocazione di routine
PROVOCAZIONE PELLE	Test di provocazione per la pelle
CHIM	Chimica
COAG	Studio di coagulazione
CITOLOGIA	Citologia
FARMACOLOGIA/TOSSICOLOGIA	Tossicologia dei farmaci
FARMACO.DOSE	Dosaggio farmacologico (per la trasmissione di dosaggi per farmacocinetica)
FERT	Fertilità
EMATOLOGIA/EMOCROMO	Ematologia (coagulazione) conta differenziale
ANAMNESI.LAB	Anamnesi pertinente a esami di laboratorio
HL7.CITOGNETICA	Referto clinico di citogenetica
HL7.GENETICA	Referto clinico di test genetico
HLA	HLA tipizzazione tissutale antigeni-anticorpi
HNA	Alloantigene neutrofili umani
HPA	HPA tipizzazione
RICHIESTE LAB	Codici richieste di laboratorio
MICRO	Microbiologia
MISC	Miscellanea
PATOL MOLECOLARE	Patologia molecolare
PATOL MOLECOLARE.DELDUP	Delezione o duplicazione genica
PATOL MOLECOLARE.INV	Inversione genetica
PATOL MOLECOLARE.MISC	Miscellanea geni
PATOL MOLECOLARE.MUT	Mutazione genica
PATOL MOLECOLARE.RIPET.NUC	Ripetizione nucleotidi
PATOL MOLECOLARE.FARMG	Farmacogenomica
PATOL MOLECOLARE.RIARRANGIAMENTO	Riarrangiamento genico
PATOL MOLECOLARE.TRISOMIA	Trisomia cromosoma genetica
PATOL MOLECOLARE.TRASLOC	Traslocazione genetica
NUM STATISTICHE	Statistiche di range normale
PANEL.SUSC ANTIB	Set di prescrizione per suscettibilità
PANEL.ALLERGIA	Set di prescrizione per allergia
PANEL.BANCA DEL SANGUE	Set di prescrizione per banca del sangue
PANEL.BANCA DEL SANGUE.GENOTIPIZZAZIONE	Panel per genotipizzazione banca del sangue
PANEL.CELLMARK	Set di prescrizione per marcatore cellulare
PANEL.PROVOCAZIONE	Set di prescrizione per provocazione
PANEL.CHIM	Set di prescrizione chimica
PANEL.COAG	Set di prescrizione per coagulazione
PANEL.FARMACOLOGIA/TOSSICOLOGIA	Set di prescrizione per livelli farmacologici e tossicologici
PANEL.FERT	Set di prescrizione test per fertilità
PANEL.HEDIS	Set di prescrizione dati e informazione efficacia cure sanitarie
PANEL.EMATOLOGIA/EMOCROMO	Set di prescrizione per ematologia e conta del sangue
PANEL.HL7.CITOGNETICA	Panel HL7 citogenetica
PANEL.HL7.GENETICA	Panel HL7 genetica
PANEL.HLA	Set di prescrizione HLA
PANEL.HNA	Set di prescrizione HNA
PANEL.HPA	Set di prescrizione HPA
PANEL.MICROBIOLOGIA	Set di prescrizione microbiologia
PANEL.MISC	Set di prescrizione miscellanea
PANEL.PATOLOGIA MOLECOLARE	Set di prescrizione patologia molecolare
PANEL.OSTETRICIA	Set di prescrizione per ostetricia
PANEL.PATOLOGIA	Set di prescrizione per patologia
PANEL.SIEROLOGIA	Set di prescrizione sierologia
PANEL.CAMPIONE	Set campione
PANEL.ANALISI URINE	Set di prescrizione analisi delle urine
PATOLOGIA	Patologia
PATOLOGIA.ISTOLOGIA	Istologia

PATOLOGIA.PROTOCOLLI.MAMMELLA	Protocolli patologia – mammella
PATOLOGIA.PROTOCOLLI.GENERALE	Protocolli patologia – generale
PATOLOGIA.PROTOCOLLI.PROSTATA	Protocolli patologia – prostata
PATOLOGIA.PROTOCOLLI.PELLE	Protocolli patologia – pelle
SIEROLOGIA	Sierologia (anticorpi e la maggior parte degli antigeni eccetto banca del sangue e agenti infettivi)
CAMPIONE	Caratteristiche campione
ANALISI URINE	Analisi delle urine

Tabella 32c: Classi di Termini per Allegati	
Abbreviazione	Classe termine Allegati
ALLEGATO	Allegato
ALLEGATO.AMB	Allegato ambulanza
ALLEGATO.CARD	Allegato cardiaco
ALLEGATO.REFCLIN	Allegato referto clinico
ALLEGATO.CPHS	Allegato Children's Preventative Health System (Sistema preventivo per la salute dei bambini)
ALLEGATO.PS	Allegato di reparto di emergenza (pronto soccorso)
ALLEGATO.GENERALE	Allegato generale
ALLEGATO.GI	Allegato gastrointestinale
ALLEGATO.LAB	Allegato di laboratorio
ALLEGATO.FARMACI	Allegato farmaci
ALLEGATO.MODIFICATORE	Allegato modificatore
ALLEGATO.OSTETRICIA	Allegato ostetricia
ALLEGATO.PARODONTALE	Allegato parodontale
ALLEGATO.RIABILITAZIONE	Allegato riabilitazione
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.ABUSO	Allegato riabilitazione abuso di alcool/sostanze
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.CARDIACA	Allegato riabilitazione cardiaca
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.INFERMIERISTICA	Allegato infermieristica specializzata
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.TERAPIAOCC	Allegato terapia occupazionale
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.PSICHIATRICA	Allegato riabilitazione psichiatrica
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.FISICA	Allegato riabilitazione fisica
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.POLMONARE	Allegato riabilitazione polmonare
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.RESPIRATORIA	Allegato riabilitazione respiratoria
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.SOCIALE	Allegato assistenza sociale medica
ALLEGATO.RIABILITAZIONE.LOGOPEDISTICA	Allegato riabilitazione logopedistica
ALLEGATO.RESPIRATORIO	Allegato respiratorio
PANEL.ALLEGATO.MOD	Allegato HIPAA richiesta di sets codice modificato

Tabella 32d: Classi di termini per Indagine	
Abbreviazione	Classe termine Indagine
PANEL.INDAGINE.AAOS	Set per indagine American Academy of Orthopaedic Surgeons (AAOS) - Accademia Americana dei Chirurghi Ortopedici
PANEL.INDAGINE.ACT	Set per indagine Asthma Control Test (ACT)
PANEL.INDAGINE.ADVULT	Set per indagine ADVault
PANEL.INDAGINE.AHRQ	Set per indagine Agency for Healthcare Research and Quality (AHRQ) - Agenzia per la Ricerca e la Qualità dell'Assistenza Sanitaria
PANEL.INDAGINE.ALSFRSR	Set per indagine ALS Functional Rating Scale - Revised set
PANEL.INDAGINE.AMNART	Set per American National Adult Reading Test (AmNART)
PANEL.INDAGINE.BIMS	Set per Brief Interview for Mental Health Status (BIMS) - Colloquio breve per Condizioni di Salute Mentale
PANEL.INDAGINE.BDI	Set per Beck Depression Inventory (BDI)
PANEL.INDAGINE.CAM	Set per Confusion Assessment Method (CAM) - metodo di valutazione della confusione mentale
PANEL.INDAGINE.CARE	Set per Continuity Assessment Record and Evaluation (CARE) - sistema informatico per la valutazione di pazienti nel tempo in rispetto ai servizi sanitari erogati da più medici/strutture curanti

PANEL.INDAGINE.CDC	Set per Centers for Disease Control (CDC) – strumento per la valutazione di stati confusionali
PANEL.INDAGINE.CESD	Set per Center for Epidemiological Studies Depression (CESD)
PANEL.INDAGINE.CMS	Set per Centers for Medicare & Medicaid Services (CMS) - Centri per i servizi Medicare & Medicaid
PANEL.INDAGINE.COOP	Set per Dartmouth Cooperative Functional Status Test (COOP)
PANEL.INDAGINE.DAST	Set per Drug Abuse Screening Test (DAST)
PANEL.INDAGINE.DUKE-AD	Set per Duke Anxiety Depression Scale (DUKE-AD)
PANEL.INDAGINE.EPDS	Set per Edinburgh Postnatal Depression Scale (EPDS) - Scala di Edinburgo
PANEL.INDAGINE.ESRD	Set per End Stage Renal Disease (ESRD) facility survey
PANEL.INDAGINE.GDS	Set per GDS (Geriatric Depression Scale) - scala per la valutazione di sintomi depressivi nell'anziano
PANEL.INDAGINE.SALUTE GENERALE	Set per indagine salute generale
PANEL.INDAGINE.GPCOG	Set per General Practitioner Assessment of Cognition (GPCOG)
PANEL.INDAGINE.HABC	Set per Healthy Aging Brain Care (HABC)
PANEL.INDAGINE.HAQ	Set per Health Assessment Questionnaire (HAQ)
PANEL.INDAGINE.HARK	Set per Humiliation, Afraid, Rape, and Kick (HARK)
PANEL.INDAGINE.HHCC	Set per Home Healthcare Classification (HHCC) - metodo per la valutazione e classificazione di pazienti in cura presso il proprio domicilio per poter valutare il bisogno di servizi infermieristici e altro servizi di cura sanitaria a domicilio
PANEL.INDAGINE.HHS	Set di indagine del Department of Health and Human Services (HHS)
PANEL.INDAGINE.HIV-SSC	Set Signs and Symptoms checklist for persons living with HIV (HIV-SSC) - lista di controllo segni e sintomi in pazienti affetti da HIV
PANEL.INDAGINE.howRU	Set howRU outcomes instrument - strumento "howRU" per autovalutazione stato di salute
PANEL.INDAGINE.IPAQ	Set per International Physical Activity Questionnaire (IPAQ)
PANEL.INDAGINE.LIV-HIV	Set per indagine Living with HIV (LIV.HIV) – convivere con l'HIV
PANEL.INDAGINE.MDS	Set per Minimum data set (MDS) – per la valutazione di pazienti residenti in case di cura
PANEL.INDAGINE.MFS	Set per Morse Fall Scale (MFS) - scala di Morse per la valutazione del rischio di cadute
PANEL.INDAGINE.MLHFQ	Set per indagine Minnesota Living with Heart Failure Questionnaire (MLHFQ)
PANEL.INDAGINE.SALUTE MENTALE	Set per indagine salute mentale
PANEL.INDAGINE.NEURO	Set per indagine neurologica
PANEL.INDAGINE.NEUROQ	Set per Quality of Life Outcomes in Neurological Disorders (NeuroQol) - valutazione qualità della vita nei pazienti con disturbi neurologici
PANEL.INDAGINE.NHANES	Set per National Health and Nutrition Examination Survey (NHANES)
PANEL.INDAGINE.NIH.EMO	Set per NIH Toolbox Emotion Domain panels
PANEL.INDAGINE.NMMDS	Set per Nursing Management Minimum Data Survey (NMMDS) - Minimum data set l'assistenza infermieristica
PANEL.INDAGINE.NORTON	Set per indagine Norton Scale
PANEL.INDAGINE.NSRAS	Set per Neonatal Skin Risk Assessment Scale (NSRAS) - Scala di Valutazione della cute neonatale
PANEL.INDAGINE.OASIS	Set Outcome and Assessment Information Survey Set (OASIS)
PANEL.INDAGINE.OMAHA	Set per indagine OMAHA
PANEL.INDAGINE.OPTIMAL	Set per Outpatient Physical Therapy Improvement in Movement a Assessment Log (OPTIMAL)
PANEL.INDAGINE.PAS	Set per Patient Activity Scale (PAS)
PANEL.INDAGINE.PASII	Set per Patient Activity Scale II (PAS-II)
PANEL.INDAGINE.PCORI	Set per Patient-Centered Outcomes Research Institute (PCORI)
PANEL.INDAGINE.PCORNET	Set per Patient Centered Outcomes Research Network (PCORnet) Common Data Model (CDM)
PANEL.INDAGINE.PEG	Set per Pain intensity, Enjoyment of life, General activity (PEG)
PANEL.INDAGINE.PHQ	Set per Patient Health Questionnaire (PHQ) – Questionario sullo stato di salute del paziente
PANEL.INDAGINE.PRAPARE	Set per Protocol for Responding to and Assessing Patients Assets Risks and Experiences (PRAPARE)

PANEL.INDAGINE.PROMIS	Set per Patient Reported Outcomes Measurement System (PROMIS) - sistema per misurare i risultati riportati dal paziente
PANEL.INDAGINE.QAM	Set per Quality Audit Marker (QAM) - marcatori valutazione della qualità
PANEL.INDAGINE.QRDA	Set per Quality Health Reporting Document Architecture (QRDA) - standard elettronico per lo scambio di dati relativi alla qualità di cure sanitarie del paziente tra sistemi informativi
PANEL.INDAGINE.RFC	Set per Residual Functional Capacity (RFC) – Capacità funzionale residua
PANEL.INDAGINE.SAMHSA	Set per Substance Abuse and Mental Health Services Administration (SAMHSA)
PANEL.INDAGINE.USSGFHT	Set per United States Surgeon General Family Health Tool (USSGFHT)
PANEL.TIMP	Set per Infant Motor Performance (TIMP)
INDAGINE.AAOS	Indagine American Academy of Orthopaedic Surgeons (AAOS) - Accademia Americana dei Chirurghi Ortopedici
INDAGINE.ACT	Indagine Asthma Control Test (ACT)
INDAGINE.ADHD	Indagine Attention Deficit Hyperactivity Disorder (ADHD)
INDAGINE.ADVault	Indagine ADVault
INDAGINE.AHRQ	Indagine Agency for Healthcare Research and Quality (AHRQ) - Agenzia per la Ricerca e la Qualità dell'Assistenza Sanitaria
NDAGINE.ALSFRSR ALS	Indagine Functional Rating Scale - Revised
INDAGINE.AMNART	Indagine American National Adult Reading Test (AmNART)
INDAGINE.BDI	Indagine Beck Depression Inventory (BDI)
INDAGINE.BPI	Indagine Brief Pain Inventory (BPI)
INDAGINE.CARE	Indagine Continuity Assessment Record and Evaluation (CARE) - sistema informatico per la valutazione di pazienti nel tempo in rispetto ai servizi sanitari erogati da più medici/strutture curanti
INDAGINE.CDC	Indagine Centers for Disease Control (CDC) - Centri per la prevenzione e il controllo delle malattie
INDAGINE.CESD	Indagine Center for Epidemiological Studies Depression (CESD)
INDAGINE.CERNER	Indagine Cerner
INDAGINE.CMS	Indagine Centers for Medicare & Medicaid Services (CMS)
INDAGINE.COOP	Indagine Dartmouth Cooperative Functional Status Test (COOP)
INDAGINE.DAST	Indagine Drug Abuse Screening Test (DAST)
INDAGINE.DUKE-AD	Indagine Duke Anxiety Depression Scale (DUKE-AD)
INDAGINE.EPDS	Indagine Edinburgh Postnatal Depression Scale (EPDS) - Scala di Edimburgo
INDAGINE.ESRD	Indagine End Stage Renal Disease (ESRD) - malattia renale all'ultimo stadio
INDAGINE.GDS	Indagine Geriatric Depression Scale (GDS) - scala per la valutazione di sintomi depressivi nell'anziano
INDAGINE.SALUTE GENERALE	Indagine Salute Generale
INDAGINE.GPCOG	Indagine General Practitioner Assessment of Cognition (GPCOG)
INDAGINE.HABC	Indagine Healthy Aging Brain Care (HABC) survey
INDAGINE.HAQ	Indagine Health Assessment Questionnaire (HAQ)
INDAGINE.HARK	Indagine Humiliation, Afraid, Rape, and Kick (HARK)
INDAGINE.HHS	Indagine Department of Health and Human Services (HHS) - Dipartimento della Salute e dei Servizi Umani
INDAGINE.howRU	Indagine howRU (How are you?) - questionario per stabilire lo stato del paziente
INDAGINE.HWS	Indagine Healthy Weight Summary (HWS)
INDAGINE.IPAQ	Indagine International Physical Activity Questionnaire (IPAQ)
INDAGINE.MDS	Indagine Minimum data set (MDS) – strumento per la valutazione di pazienti residenti in case di cura
INDAGINE.MFS	Indagine Morse Fall Scale (MFS) – strumento per la valutazione del rischio di cadute
INDAGINE.MISC	Indagine miscellanea
INDAGINE.MLHFQ	Indagine Minnesota Living with Heart Failure Questionnaire (MLHFQ)
INDAGINE.SALUTE MENTALE	Indagine salute mentale
INDAGINE.NEURO	Indagine neurologica

INDAGINE.NEUROQ	Indagine Quality of Life Outcomes in Neurological Disorders (NeuroQol) - valutazione qualità della vita nei pazienti con disturbi neurologici
INDAGINE.NHANES	Indagine National Health and Nutrition Examination Survey (NHANES)
INDAGINE.NHCS	Indagine National Health Care Survey (NHCS)
INDAGINE.NIH.EO	Indagine NIH Toolbox Emotion Domain
INDAGINE.NIH_TOOLBOX	Indagine NIH Toolbox survey
INDAGINE.NMMDS	Indagine Nursing Management Minimum Data Survey (NMMDS) - questionario per l'assistenza infermieristica
INDAGINE.NORTON	Indagine Norton Scale
INDAGINE.NSRAS	Indagine Neonatal Skin Risk Assessment Scale (NSRAS) - Scala di Valutazione della cute neonatale
INDAGINE.INFERMIERISTICA.HHCC	Indagine Home Healthcare Classification (HHCC) - metodo per la valutazione e classificazione di pazienti in cura presso il proprio domicilio per poter valutare il bisogno di servizi infermieristici e altro servizi di cura sanitaria a domicilio
INDAGINE.INFERMIERISTICA.HIV-SSC	Indagine Signs and Symptoms checklist for persons living with HIV (HIV-SSC) - Lista di controllo segni e sintomi in pazienti affetti da HIV
INDAGINE.INFERMIERISTICA.LIV-HIV	Indagine Living with HIV (LIV.HIV) – convivere con HIV
INDAGINE.INFERMIERISTICA.OMAHA	Indagine OMAHA
INDAGINE.INFERMIERISTICA.QAM	Indagine Quality Audit Marker (QAM) - marcatori valutazione della qualità
INDAGINE.OASIS	Indagine Outcome and Assessment Information Survey (OASIS)
INDAGINE.OPTIMAL	Indagine Outpatient Physical Therapy Improvement in Movement and Assessment Log (OPTIMAL)
INDAGINE.PAS	Indagine Patient Activity Scale (PAS)
INDAGINE.PASII	Indagine Patient Activity Scale II (PAS-II)
INDAGINE.PCORNET	Indagine Patient Centered Outcomes Research Network (PCORnet) Common Data Model (CDM)
INDAGINE.PEG	Indagine Pain intensity, Enjoyment of life, General activity (PEG)
INDAGINE.PHQ	Indagine PHQ (Patient Health Questionnaire) – Questionario sullo stato di salute del paziente
INDAGINE.PRAPARE	Indagine Protocol for Responding to and Assessing Patients Assets Risks and Experiences (PRAPARE)
INDAGINE.PROMIS	Indagine Patient Reported Outcomes Measurement System (PROMIS) - sistema per misurare gli esiti riferiti dal paziente
INDAGINE.QRDA	Indagine Quality Reporting Document Architecture (QRDA)
INDAGINE.RFC	Indagine Residual Functional Capacity (RFC) – Capacità funzionale – residua
INDAGINE.SAMHSA	Indagine Substance Abuse and Mental Health Services Administration (SAMHSA)
INDAGINE.USSGFHT	Indagine United States Surgeon General Family Health Tool set (USSGFHT) – Strumento valutazione salute della famiglia – Stati Uniti
TIMP	Indagine Test of Infant Motor Performance (TIMP) - test di prestazione motoria infantile

Appendice C – Calcolo Mod 10 Check Digits

Il codice LOINC è un codice numerico con un Mod 10 check digit. L'algoritmo per il calcolo di un Mod 10 check digit è il seguente:

Istruzioni

Esempio

1. Utilizzando il numero 12345, assegnare posizioni ai digits, da destra a sinistra	$1^{\circ} = 5$ $2^{\circ} = 4$ $3^{\circ} = 3$ $4^{\circ} = 2$ $5^{\circ} = 1$
2. Prendere le posizioni delle cifre dispare contando dalla destra (1° , 3° , 5° , ecc)	531
3. Moltiplicare per 2	1062
4. Prendere le posizioni delle cifre pari cominciando dalla destra (2° , 4° , ecc)	42
5. Anteporre (4) al risultato di (3)	421062
6. Fare la somma delle cifre in (5)	$4+2+1+0+6+2=15$
7. Trovare il prossimo più alto multiplo di 10	20
8. Sottrarre (6) da (7)	$20-15 = 5$
QUINDI 5 è la cifra di controllo il MOD 10 per 12345	

Calcolo del check digit per Parti, Risposte , e altri identificatori LOINC con caratteri

Usiamo una variante dell'algoritmo di base Mod 10 per calcolare gli identificatori di Parti e Risposte LOINC perché questi identificatori contengono i prefissi alfa "LP" e "LA" (che rappresentano Parte LOINC (LOINC Part) e Risposta LOINC (LOINC Answer). Una descrizione dettagliata del metodo è disponibile qui:

<https://wiki.openmrs.org/display/docs/Check+Digit+Algorithm>

Lo stesso metodo potrebbe anche essere utilizzato per il calcolo di check digits per "codici X" assegnati dall'utente (che contengono un carattere "X" iniziale).

Appendice D – Procedura per la Presentazione di Aggiunte/Cambiamenti a LOINC

Introduzione

Dalla sua nascita, LOINC è stato sviluppato come uno standard aperto. Accettiamo richieste di nuovi termini! Le sottomissioni da parte degli utenti LOINC hanno contribuito alla nostra crescita. Accettiamo anche suggerimenti di cambiamenti a termini esistenti o altri miglioramenti come sinonimi aggiuntivi o descrizioni di termini.

Regenstrief desidera rispondere il più rapidamente possibile a nuove sottomissioni tenendo conto però del processo di revisione necessario per ottenere uno standard di alta qualità. Possiamo essere veloci solo se i richiedenti forniscono informazioni **chiare e complete** riguardo i termini che sottomettono. Di seguito si trova un elenco dell'informazione richiesta per la sottomissione.

Nuove richieste riguardano spesso variazioni su osservazioni che abbiamo già nel database. Ad esempio, potrebbe esserci un termine per un risultato di test particolare con siero come campione (system) e un utente fa richiesta per un termine identico per un campione di contenuti gastrici. Con le informazioni a sostegno, questo genere di richiesta è generalmente semplice.

Prima di presentare la richiesta, si prega di controllare la pagina [LOINC Submissions Queue](#) sul sito web LOINC, per vedere se c'è un nuovo termine simile o equivalente è stato già richiesto.

Anche quando i richiedenti forniscono informazioni complete con la loro sottomissione, alcune richieste richiedono discussione e decisione da parte del LOINC Committee prima che Regenstrief possa completare le richieste. Esempi di richieste sono:

- (1) una nuova tipologia di misura
- (2) l'uso di codici LOINC in modo non precedentemente concordato dal LOINC Committee

Prima di presentare la richiesta

Si prega di notare che noi abbiamo la tendenza di evitare l'uso di metodi per test chimici. Non accettiamo, di norma, richieste per test chimici specifici per metodo. Soltanto in circostanze speciali o particolari, faremo delle distinzioni fra metodi analitici per la chimica. Non distinguiamo test in microbiologia, sierologia, o coagulazione per tipo di metodo. Anche qui, tuttavia, non distinguiamo ogni variazione nel metodo. Vi invitiamo a cercare nel corpo del presente manuale d'uso le informazioni che riguardano i tipi di distinzione che facciamo.

Si prega di notare che il nostro approccio è quello di permettere misure che sono sia metodo-vaghe (nessun metodo) sia metodo-specifiche in sierologia misure di Ab e Ag), e in testing per suscettibilità agli antibiotici.

Si prega di prestare particolare attenzione alle sottomissioni che includono solo il System di siero o plasma. Per la maggior parte delle analisi chimiche non c'è nessuna differenza significativa tra i valori ottenuti da siero e quelli ottenuti da plasma, e noi vorremo rappresentarli nel database come Ser/Plas per indicare la nostra indifferenza per quanto riguarda la distinzione. Sfortunatamente, molti di coloro che fanno richiesta di nuovi termini definiscono la propria richiesta in termini di quello che loro usano (es., siero o plasma) senza dirci che la misura può, in effetti, essere realizzata sia su siero che su plasma. La maggior parte di tali richieste dovrebbe essere per Ser/Plas come System (campione). Se la misura DEVE essere fatta su o siero o plasma, si prega di giustificare scientificamente la propria richiesta e inviare la documentazione; altrimenti ci sarà un notevole ritardo nel rispondere alla vostra presentazione (submission).

I contenuti degli strumenti di indagine aggiungono qualche complessità. Se lo strumento è protetto da copyright da parte di terzi, Regenstrief dovrà ottenere il permesso prima di essere in grado di modellarlo in LOINC. In generale, i nuovi termini LOINC sono necessari per le domande o le variabili che hanno diversi elenchi di risposte enumerate.

Come presentare la richiesta

Cominciando dall'inizio

Le informazioni fornite su test/misurazione locale e il modo in cui viene utilizzato è più importante del nome LOINC che viene proposto. Avere informazioni complete sul test locale rende il processo di revisione più snello e ci aiuta a creare definizioni di termini più chiare nonché verificare e migliorare altro contenuto accessorio, a vantaggio di tutti. Il tipo di informazione di cui abbiamo bisogno variare un pò a seconda del tipo di contenuto (laboratorio, radiologia, titoli dei documenti, questionari, ecc.), per cui non sempre sono applicabili tutti gli elementi.

Formato per la sottomissione

Per la maggior parte degli utenti, si consiglia di utilizzare il modulo di richiesta online. Indipendentemente dal formato, chiediamo agli utenti di inviare non più di 50 termini proposti alla volta.

Informazione richiesta

L'insieme delle informazioni necessarie per una specifica sottomissione dipende dal contenuto della richiesta. Per permetterci di elaborare la vostra richiesta, abbiamo bisogno di:

- Test locale/nome osservazione.
- Nome osservazione (panel) locale.
- Nome del laboratorio (se applicabile).
- Nome dell'organizzazione sanitaria che ha stimolato la richiesta di questo termine (se si sta inviando a nome di qualcun altro).
- Descrizione del test:
 - Per test di laboratorio e misurazioni cliniche, la descrizione dovrebbe indicare ciò che si misura, come viene eseguito, e come viene utilizzato clinicamente (ad esempio, fa la diagnosi, monitora o fa lo screening, ecc. di quali condizioni).
 - Per altri tipi di termini clinici, come documenti clinici, la descrizione dovrebbe indicare il contenuto informativo previsto che verrebbe inviato come valore del risultato (vale a dire, il tipo di informazione presente nel documento o referto).
- Unità di misura (per osservazioni quantitative).
- Elenco di risposte (per osservazioni qualitative).
- Campione di risultati, referti (se applicabile).
- Se la richiesta è per un panel, la richiesta dovrebbe includere i test che compongono il panel. Se ogni test ha già un codice LOINC deve essere incluso e per tutti i test che non dispongono già di un codice, devono essere fornite tutte le informazioni di cui sopra per ogni singolo test.
- Foglietti illustrativi, documentazione kit di analisi (se applicabile).
- Fornitore, strumento, e/o kit reagente utilizzato per eseguire questo test (se applicabile).
- Descrizione del progetto o attività che ha stimolato la richiesta di questo termine.
- Guida per l'implementazione (per i termini progettati per essere utilizzati nel contesto di una specifica guida di implementazione di messaggistica).
- Modulo d'indagine originale (per questionari o contenuti d'indagine):
 - Se richiedi i termini del sondaggio, ti consigliamo di verificare se i termini sono protetti da copyright e di farci sapere queste informazioni quando invii la richiesta. Sarebbe particolarmente utile e faciliterebbe l'elaborazione contattare il titolare del copyright prima dell'invio per scoprire se sia disposto a dare il permesso di

- rappresentare il contenuto protetto da copyright in LOINC, e quindi includere le informazioni di contatto con l'invio in modo che possiamo seguire direttamente con lui.
- Occasionalmente i detentori del copyright sono disposti a concedere solo l'autorizzazione a tempo limitato o concedere l'autorizzazione, ma a un costo, e in tali casi, non creeremo il contenuto richiesto perché non possiamo accettare questi termini.
- Ogni altra documentazione che possa aiutarci a creare i codici richiesti.

Modulo di richiesta Online

Nuovi termini LOINC possono essere richiesti direttamente dal sito web LOINC utilizzando il modulo di richiesta online. Il modulo di richiesta può creare una serie di termini richiesti inserendo le informazioni necessarie per ciascun termine e/o caricando un file di foglio elettronico con i campi richiesti. I termini richiesti e le informazioni di supporto vengono inviati al Regenstrief e gli utenti possono rivedere lo stato dei propri invii dalla sezione [My Submissions](#) del sito web LOINC.

Sottomissione RELMA

Il programma RELMA può aiutare nella creazione di presentazioni permettendovi di creare, gestire e immagazzinare termini di submission/richiesta, in modo simile a quello in cui il sistema crea, gestisce e registra i set locali in uso. Con RELMA, si possono creare dei termini per submission/richiesta nel tempo e presentare gruppi di termini. Il programma rintraccerà la data della creazione del termine e la data della presentazione dello stesso da parte vostra. Il programma vi assisterà nell'organizzazione dei termini da voi creati e renderà automatico il processo della creazione dei file per la submission/richiesta.

Per istruzioni dettagliate su come utilizzare la funzione 'proporre un termine' in RELMA, si rimanda all'Appendice A del manuale RELMA. Il manuale RELMA si può scaricare da sito web di LOINC.

Invio file di Excel

Se non si utilizza RELMA per la presentazione, si prega di utilizzare uno dei modelli forniti sul nostro sito.

Non saranno accettati altri formati (ad esempio, campi di database distribuiti, formati interni/ locali esportati).

Si prega di mandare via e-mail il modello di sottomissione e i relativi documenti a submissions@loinc.org.

Comunicazione con il Regenstrief Institute

Entro uno o due giorni dopo aver ricevuto il vostro file, riceverete una email di conferma e la procedura di sottomissione sarà avviata. Regenstrief potrebbe contattarvi per richiedere ulteriori informazioni se necessario.

È possibile seguire l'avanzamento dei termini richiesti man mano che si procede attraverso il processo di revisione visitando la sezione [LOINC Submissions Queue](#) sul sito web LOINC.

Una volta che la procedura sarà completata, riceverete i file contenenti i codici richiesti.

Appendice E – Esempi di abbinamento delle proprietà in LOINC

- 1. Contenuto (Cnt)** Come concentrazione eccetto per il fatto che il volume nel denominatore viene sostituito da massa. Per estensione:

CCnt Contenuto Catalitico, attività catalitica del component per unità di massa di un campione (System)
24048-1|Alpha galactosidase:CCnt:Pt:Fib:Qn

MCnt Contenuto Massa, massa di componente per unità di massa di un campione (System).
9435-9|Isopropanol:MCnt:Pt:Tiss:Qn

Nota: Tutte le misure di metalli pesanti in capelli, unghie, e tessuti dovrebbero essere tutte Contenuti di massa.

8157-0|Arsenic:MCnt:Pt:Nail:Qn

NCnt Contenuto Numero, numero d entità di componente per unità di massa di un campione (System)
20771-2|Coliform bacteria:NCnt:Pt:Egg:Qn:Viability count

- 2. Fraction (FR).** Frazione di component A in un gruppo di entità B, C, Y, N in sistema 1. Per estensione:

CFr Frazione Catalitica
2536-1|Lactatedehydrogenase1/Lactatedehydrogenase.total:CFr:Pt:Ser/Plas:Qn:Electrophoresis
9642-0|Creatine Kinase.BB/Creatine kinase.total:CFr:Pt:Ser/Plas:Qn

NFr Frazione Numero
10602-1|Spermatozoa.abnormal head/100 spermatozoa:NFr:Pt:Semen:Qn
764-1|Neutrophils.band form/100 leukocytes:NFr:Pt:Bld:Qn:Manual count

MFr Frazione Massa
2614-6|Methemoglobin/Hemoglobin.total:MFr:Pt:Bld:Qn

SFr Substance Frazione Sostanza
30192-9|Acetylcholine receptor modulation Ab/Acetylcholine
Ab.total:SFr:Pt:Ser:Qn

VFr Volume Frazione Volume
4545-0|Hematocrit:VFr:Pt:Bld:Qn:Spun

- 3. Ratio (RTO).** Rapporto di componente A con component B in sistema 1
Per estensione:

CRto Rapporto Catalitico (precedentemente Rapporto Concentrazione Catalitica, CCRto)
2325-9|Gamma glutamyl transferase/Aspartate aminotransferase:CRto:Pt:Ser/Plas:Qn

SRto Rapporto Sostanza (precedentemente Rapporto Concentrazione Sostanza, SCRto)
2958-7|Sodium/Potassium:SRto:Pt:Sweat:Qn

MRto Rapporto Massa (precedentemente Rapporto Concentrazione Massa, MCRto)
2768-0|Phenylalanine/Tyrosine:MRto:Pt:Ser/Plas:Qn

NRto Rapporto Numero
11138-5|Myeloid cells/Erythroid cells:NRto:Pt:Bone mar:Qn

VelRto Rapporto Velocità
12022-0|Resistivity index:VelRto:Pt:Uterine artery.right:Qn:Doppler.calculated

VRatRto Rapporto Tasso Volume
29462-9|Pulmonic flow/Sistemaic flow:VRatRto:Pt:Circulatory System.XXX:Qn:US.doppler

Ratio 1811-9|Amylase/Creatinine renal clearance:Ratio:24H:Urine:Qn

Nota:

Il calcolo CSF/Siero Proteina non è un rapporto, poiché i componenti misurati non appartengono allo stesso system. Il suo tipo di proprietà è concentrazione relativa di massa. RelMCnc (si veda sotto).

Note:

Se le unità del denominatore e del numeratore sono entrambe massa (es., mg/g) usare MRto

13719-0|Carnitine/Creatinine:MRto:Pt:Urine:Qn

Se le unità del denominatore e del numeratore sono entrambe sostanza, (es., mmol/mol) usare SRto

22695-1|Carnitine/Creatinine:SRto:Pt:Urine:Qn

Se le unità del denominatore e del numeratore sono diverse, (mmol/g), usare Ratio

17866-5|Carnitine/Creatinine:Ratio:Pt:Urine:Qn

4. Relative (REL). Quantità relative di component A in sistema 1 in confront con sistema 0. Per estensione:

REL dovrebbe essere usato laddove la misurazione effettiva è da una misurazione normale o di controllo. Dovrebbe anche essere usato quando un quoziente viene creato dividendo una sostanza misurata in Siero dalla stessa sostanza misurata in CSF, Urine, ecc.

RelMCnc Concentrazione Relativa di Massa (come precedentemente indicato) R

2858-9|Protein.CSF/Protein.serum:RelMCnc:Pt:Ser+CSF:Qn

3235-9|Coagulation factor XII Ag actual/Normal:RelMCnc:Pt:PPP:Qn:Imm

RelTime Tempo Relativo

3232-6|Coagulation factor XII activity actual/Normal:RelTime:Pt:PPP:Qn:Coag

RelCCnc Concentrazione Catalitica Relativa

28660-9|Plasminogen actual/Normal:RelCCnc:Pt:PPP:Qn:Chromo

RelRto Rapporto Relativo

1756-6|Albumin.CSF/Albumin.SerPl:RelRto:Pt:Ser/Plas+CSF:Qn

RelVol Volume Relativo

19853-1|Capacity.inspiratory.bs/Capacity.inspiratory.preop:RelVol:Pt:RespiratorySystema:Qn:Spirometry

ReLVRAT Tasso relative di Volume

20161-6|Voluntaryventilation.max^postbronchodilator/MVV:predicted:RelVRat:Pt:Respiratory System:Qn

5. Cmplx. Altre divisioni di una misurazione che non sono coperte dalle regole di cui sopra dovrebbero essere classificate come avendo delle proprietà Complex (Cmplx), e la formula esatta per la derivazione della quantità dovrebbe essere specificata chiaramente.

6. Arbitrary. Concentrazione arbitraria di elementi. Se non stiamo misurando l'attività di un'enzima, le unità di misura e le proprietà sono:

Possibili Valori	Proprietà	Scala
Units/ml, IU/ml, etc.	ACnc	Qn
Units/gm, IU/gm, etc.	ACnt	Qn
Unit/min, IU/24hr, etc.	ARat	Qn
Unitless (Patient/Control)	AFr	Qn

NOTA: Se stiamo misurando l'attività di un enzima, le unità di misura e le proprietà sono:

Possibili Valori	Proprietà	Scala
IU/ml, Units/ml, etc.	CCnc	Qn
IU/gm, Units/gm, etc.	CCnt	Qn

IU/24hr, Unit/min, etc.	CRat	Qn
Unitless (Patient/Control)	CfR	Qn

7. Se la proprietà è Titr, la scala è sempre Qn.

Per qualsiasi X Ab o Ag:

Possibili Valori	Proprietà	Scala
<1:2, 1:4, 1:8...	Titr	Qn

8. Per qualsiasi X Ab o AG:

Possibili Valori	Proprietà	Scala
Neg, Indeterminate, Pos	PrThr	Ord
1+, 2+, 3+...	PrThr	Ord
<1:2, 1:4, 1:8...	Titr	Qn
Neg, 1:4, 1:8 ...	Titr	Qn
Neg, 0.90 ...	ACnc	Qn (EIA units)

9. Per qualsiasi valutazione intensiva il cui valore viene da un set limitato di elementi codificati (indipendenti) non allineati, la proprietà sarà PRID (o TYPE – tipo) e a Scala NOM. PRID viene utilizzato nei casi in cui il set di valori include l'opzione di segnalazione “nessuno”, “non presente”, ecc. TYPE viene utilizzato nei casi in cui il risultato specifica sempre un valore dal set finito. Per misure estese il cui valore viene da un set limitato di elementi codificati non allineati, la proprietà sarà la proprietà estensiva, e la scala sarà NOM.

Proprietà Intensiva	Possibili Valori (codificati)	Proprietà	Scala
Organism Identified	E. coli, S. aureus, etc.	Prid	Nom
ABO Group	A, B, AB, O	Type	Nom
Surgery (Dis. Summary)	Cholecystectomy, Appendectomy	Prid	Nom
Proprietà Estensiva	Possibili Valori (codificati)	Proprietà	Scala
Urine Color	Amber, straw, etc.	Type	Nom

10. Per qualsiasi valutazione il cui valore proviene da un set limitato di elementi non allineati di un testo libero (oppure un paragrafo), la proprietà sarà Prid, o Cerca e la scala Nar per indicare che il risultato è una narrativa composta da testo libero. Per misure estensive il cui valore proviene da un set limitato di elementi di testo (o di un paragrafo) non allineati, la proprietà sarà la proprietà estensiva, e la scala sarà Nar.

Scala Possibili Valori (testo) Proprietà Intensiva

Proprietà Intensiva	Possibili Valori (Text)	Proprietà	Scala
Organism Identified	E. coli, S. aureus, etc.	Prid	Nar
ABO Group	A, B, AB, O	Type	Nar
Surgery (Dis. Summary)	Cholecystectomy	Prid	Nar
Proprietà Estensiva	Possibili Valori (Text)	Proprietà	Scala
Urine Color	Amber, straw, etc.	Type	Nar

11. Imp viene usato per rappresentare la proprietà quando la valutazione è una forma di astrazione mentale basata su una collezione di misure e/o dati. Ad esempio, se diverse misure vengono fatte relativamente ai livelli di immunoglobulina in Siero e CSF in un pannello di miastenia grave, e se, esaminando tutte gli elementi di prova, un medico decide che tali elementi dimostrano la presenza di una malattia attiva (la quale

potrebbe essere rappresentata come valore codificato), il risultato del pensiero del medico sarebbe rappresentato come:

	Possibili Valori (testo)	Proprietà	Scala
Myasthenia Evaluation	No disease, chronic disease	Imp	Nom

- Se la valutazione del medico viene riportata nella forma di testo libero o paragrafo di informazioni, la rappresentazione sarebbe:

Myasthenia Evaluation	No disease, chronic disease	Imp	Nar
-----------------------	-----------------------------	-----	-----

- I metodi vengono usati solo per distinguere cose che sono identiche negli altri cinque campi LOINC ma che possono essere diverse perché la sensibilità oppure la specificità possono essere diverse per i metodi in questione.
- Bisogna fare attenzione nel distinguere il metodo di individuazione finale dalla proprietà. Ad esempio, se il sodio viene misurato con l'impiego di un elettrodo ione selettivo, la proprietà non è una differenza di voltaggio. La differenza di voltaggio è solo un metodo per misurare indirettamente la concentrazione di sodio. La concentrazione è la vera proprietà. Allo stesso modo, molti antigeni e anticorpi vengono misurati adesso con l'uso della densità ottica come metodo di individuazione. Tuttavia, la proprietà che stiamo in effetti misurando è una concentrazione arbitraria (ACnc) e non la densità ottica. Se la proprietà è un rapporto tra delle densità ottiche (come con Gliadin Ab, Parvovirus B19 Ab, ecc.) che vengono confrontate (valore paziente diviso da un controllo standard), allora la proprietà dovrebbe essere (RelACna concentrazione arbitraria relativa).
- ml/min/1.73sqM (Millilitri per min per 1.73 metri quadrati BSA): Simile alla voce immediatamente precedente. Questo risultato ha la stessa proprietà che avrebbe se avesse unità di ml/min/sqM. La proprietà di questa misura dovrebbe essere chiamata "Areic Volume Rate" (ArVRat).

Appendice F – Esempi di acronimi usati in LOINC

Tabella 33: Esempi di acronimi usati in LOINC	
Acronimo	Significato
AC	Circonferenza addominale
ADL	Attività della vita quotidiana
AE	Proteina di scambio anionico
AP	Anterio-posteriore
APAD	Diametro anterio-posteriore dell'addome
AUT	Testing Ultrasuono Automatico
B2GP1	Beta 2 Glicoproteina 1
BD	Distanza binoculare
BOR	Brachio-oto-renale
BPC	Circonferenza bi parietale
BPD	Diametro bi parietale
CD	Cluster di differenziazione
CDA	Anemia diseritropoietica congenita
CDB	Assicurazione sanitaria per disabilità in bambini
cDNA	DNA complementare
CFst	Digiuno da apporto calorico
CHAMPUS	Programma di assistenza sanitaria supplementare a quella disponibile per le forze in divisa e la sanità pubblica
Cine	Cinematografico
CMS	Centers for Medicaid and Medicare Services
CNRI	Recettore cannabinoide 1
COC	Commissione per il cancro
COPD	Malattia polmonare ostruttiva cronica
CPT	Terminologia di procedura corrente
CRL	Lunghezza vertice-sacro
CSF	Liquido cerebro-spinale
CW	Onda continua
CyCD22	Citoplasmatico CD22
DBG	Donna Bennett-Goodspeed
DCIS	Carcinoma duttale in situ
DISIDA	Acido Diisopropiliminodiacético
DRG	Gruppi diagnostici correlati
DTPA	Dietilen-triamino-pentacetico
Dx	Diagnosi
EBV-LMP	Virus di Epstein Barr - Proteina della membrana latente
ED	Dipartimento di Emergenza
EDD	Data presunta di consegna
EEG	Elettroencefalogramma
EFW	Peso fetale stimato
EGD	Duodenoscopia esofago gastrico

EKG	Elettrocardiogramma
EMS	Servizi sanitari di emergenza
ENT	Orecchio, Naso, Gola
ERCP	ERP Pancreatografia endoscopica retrograda
FL	Lunghezza femore
FLACC	Scala FLACC, valuta espressione del volto, gambe, attività (posizione e movimenti delle gambe e del corpo), presenza di pianto o lamenti e (Consolability) necessità e possibilità di rassicurare e tranquillizzare il paziente
FNA	Esame citologico su agoaspirato con ago sottile
FTA	Area tronco fetale
GALOP	Sindrome Galop – Malattia andatura – autoantibody – tarda età – polineuropatia
GSD	Diametro sacco gestazionale
GSL	Lunghezza sacco gestazionale
HC	Circonferenza testa
HIV	Virus dell'immunodeficienza umana
HIV-SCC	Lista di controllo per segni e sintomi in persone affette da HIV
HL	Lunghezza omero
HLA	Antigene leucocitario umano
HMPAO	Esametil-propilene-ammino-ossima
HTLV	Virus T-linfotropico umano
HWL	Altezza, larghezza, lunghezza
ICD	Classifica internazionale per le malattie
ICD9	Classifica internazionale per le malattie – nona revisione
ICD9-CM	Classifica internazionale per le malattie – nona revisione, modifica clinica.
ICD-O	Classifica internazionale per le malattie – oncologia
ID	Intradermico
INR	Rapporto normalizzato internazionale
IOD	Distanza interoculare
KUB	Rene Uretra Vescica
LHON	Neuropatia ottica ereditaria del Leber
LOINC	Nomi di identificatori di osservazione logica e codici (LOINC®)
LVOT	Tratto di deflusso del ventricolo sinistro
LW	Landsteiner-Wiener
LWT	Lunghezza Larghezza Spessore
MAA	Microalbumina aggregata albumina
MEMS	Sistema monitoraggio medicazione (MEMS)
MERSTH	Sistema di notificazione per la salute del paziente Mersth.
MIB-1	Mindbomb omologo
MIBG	Metaiodobenzilguanidina
MIC	Concentrazione Minima Inibente (MIC)
MLC	Minima concentrazione letale (MLC)
MLO	Media-lateral-oblique (mammografia)
MMA	Macro aggregati di albumina umana

MVV	Ventilazione volontaria massima
NAACCR	North American Associazione of Central Cancer Cegistries
Ng	Nasogastrico
NPI	Numero di identificazione nazionale (USA) per fornitori di servizi sanitari (NPI)
OFD	Diametro occipitale-frontale (OFD)
O-I BPD	Diametro bi parietale - esterno-interno (anche DPB)
OmpC	Porina della membrana esterna – E Coli.
O-O BPD	Diametro bi parietale - esterno-esterno
O-O TD	Diametro cassa timpanica – esterno-
OOD	Diametro orbitale esterno
PA	Posteriore-anteriore
PCP	Medico di base
PEG	Polietilene-glicole
PHQ	Questionario salute paziente
PISA	Isovelocità prossimali dell'area di superficie
PSR	Screening periodontale
PYP	Pirofosfato
QAM	Marcatore di verifica di qualità
QID	Quattro volte al dì
RAST	Test di radio-allergoadsorbimento (RAST)
RFC	Capacità funzionale residua (CRF)
RFLP	Polimorfismo da lunghezza dei frammenti di restrizione (RFLP)
RUG	Sistema Resource Utilization Groups (RUG) per la classificazione dei pazienti ospiti delle lungodegenze e delle RSA, utilizzato negli Stati Uniti dal 1994 per la valutazione del “Case-mix” e la Remunerazione del sistema extra-ospedaliero
SAB	Biotina-streptavidin
SBT	Sequence-based typing (SBT) compara le sequenze nucleotidiche di 3 diversi geni per ogni ceppo batterico.
SC	Solfuro colloidale
SCB	Barriera cellule di Sertoli
SCL	Sclerodermia
SEER	Surveillance, Epidemiology and End Result (programma SEER – fonte per statistiche relative al cancro - USA)
TAD	Diametro trasverso dell'addome
TC	Circonferenza toracica
TCD	Diametro trasverso-cerebellare
TD	Diametro trans assiale
TEC	Campimetria elettrica Tübingen
TID	Tre volte al dì
TNM	Tumore, nodo, metastasi
TORCH	Toxoplasma, Rosolia, Cytomegalovirus, Herpes simplex
TTD	Diametro trasverso toracico
TU	Unità tuberculina
VTI	Integrale velocità-tempo
VWF	Fattore di von Willebrand

Appendice G – Schede Tecniche LOINC

Sono stati sviluppate schede tecniche per vari termini LOINC per chiarire il significato, la nomenclatura corrente o il caso d'uso di un determinato termine. Le seguenti schede tecniche sono incluse in questo manuale e collegate ai termini LOINC correlati in RELMA.

- D-Dimer Revisions in LOINC.
- Cockcroft-Gault formula for estimating creatinine clearance, Schwartz equation for Glomerular.
- Filtration Rate and MDRD formulae.
- Inducible Clindamycin Resistance in Staphylococcus and Streptococcus.
- KIR Gene Family.
- Oxygen Saturation and LOINC®.
- Nomenclature of Salmonella Species, Subspecies, and Serovars.
- Segmented Neutrophils Versus Polymorphonuclear WBC.
- Vitamin D.
- Free Thyroxine Index Variants.
- Streptococcus pneumoniae serotype nomenclature.

D-Dimer Revisions in LOINC

Autore: J. Gilbert Hill, MD, PhD

Data: 24/11/2006

Il problema

Per molti anni un test noto come “D-dimer” è stato utilizzato per la valutazione di pazienti con DIC e, più recentemente, per l'esclusione della diagnosi di TVP o EP. Le unità utilizzate per esprimere i risultati sono in genere ng/mL o ug/L, quindi un report potrebbe apparire come:

D-dimer = nn ug/L

o

D-dimer = nn ng/mL

Occasionalmente, questa espressione viene modificata in lettura

D-dimer = nn ug/L DDU, (where the DDU stands for D-dimer units)

Con il passare del tempo, sono state sviluppate nuove procedure di test, in cui nuovi metodi di analisi e di preparazione del test standard hanno portato all'uso di nuove “unità” per esprimere i risultati. Con questi set di reagenti, un report potrebbe apparire come:

D-dimer = xx FEU ug/L

o

D-dimer = xx ug FEU/L

o

D-dimer = xx ug/L FEU, (where FEU is an acronym for fibrinogen equivalent units)

La posizione della FEU nell'unità non è coerente: alcuni utenti posizionano la FEU prima della "ug", alcune dopo la "ug" e altre dopo la "L".

Dal punto di vista clinico, il test D-dimer è potenzialmente di grande valore escludendo la TVP o la PE: per i risultati espressi come ng/mL (= ug/L), il valore di esclusione è generalmente inferiore a 250; per i risultati espressi come ng/mL FEU, il valore di esclusione è inferiore a 500 e questi valori sono compatibili con una conversione della regola empirica pubblicata da bioMérieux, luglio 2003:

600 ng/mL FEU = 300 ng/mL D-dimer

Così . . . ora abbiamo l'uso di un solo nome per un test - D-dimer - ma con risultati che rientrano in due famiglie separate. La differenza tra le due famiglie è che i risultati differiscono di un fattore di approssimativamente due. Ciò ha portato a una situazione caotica in laboratorio e, per estensione, al capezzale, una situazione in cui sia il personale di laboratorio che i medici sono confusi su quale “D-dimer” viene misurato e riportato. La rete mondiale ha dozzine di riferimenti al problema e la CAP ha commentato frequentemente, con una serie di articoli su CAP Today (febbraio 2000, gennaio 2003, aprile 2005, maggio 2005, estate 2005).

Nei termini LOINC, abbiamo un componente che rappresenta due entità diverse, con identici attributi primari (componente, proprietà, scala, system, aspetto temporale e scala), differenziati solo per metodo e unità, entrambi discriminatori molto deboli.

Il problema fondamentale è la mancanza di uno standard utile. L'International Society on Thrombosis and Haemostasis ha avuto un sottocomitato che lavora per più di dieci anni sulla standardizzazione

del D-dimer, senza successo, e si dice che un seggio nel comitato provenga con prestazioni pensionistiche.

Le seguenti cifre forniscono una stima della portata del problema: in un sondaggio US (CAP) del 2004, il 59% dei laboratori ha riferito di FEU, il 41% ha riferito D-DU e l'8% non conosceva le unità che utilizzava; in un sondaggio canadese del 2005 (QMPLS), il 68% dei laboratori ha riferito D-DU, il 31% ha riferito FEU e l'1% non conosceva le unità che utilizzava.

Risoluzione del problema

La soluzione ovvia al problema è avere nomi diversi per le due “famiglie” di D-dimer. Ma quali dovrebbero essere questi nomi?

Contribuire al problema originale è la scelta sfortunata dell'acronimo FEU, per unità equivalenti a fibrinogeno. L'inclusione della parola "unità" dà l'impressione che la FEU sia un'unità in senso metrologico, mentre sarebbe più ragionevole pensarla come un'unità in senso strutturale - ad esempio, un'unità come il glucosio in una molecola più grande come l'amido.

Data questa interpretazione, la FEU può essere più strettamente correlata o equivalente al “componente” (nel senso LOINChiano), piuttosto che all'unità metrologica. In altre parole, la FEU è il nome di ciò che viene misurato: come la quantità di glucosio può essere misurata in un campione, così la quantità di FEU.

Da ciò è logico proporre che le voci esistenti in LOINC mantengano il nome del componente FIBRIN D-DIMER, ma che venga creata una nuova voce con il nome FIBRIN D-DIMER.FEU. In conformità con le convenzioni di denominazione LOINC, un punto (.) separa il nome dell'analita dalle “sottospecie”. Questo nome proposto protegge la connessione con la famiglia D-dimer, ma la separa efficacemente come entità diversa.

Il Fully Specified Name sarebbe:

FIBRIN D-DIMER.FEU:MCNC:PT:PPP:QN:EIA

Esiste almeno un precedente in LOINC per questo tipo di modifica dei componenti - vedi LOINC 4539-3, Velocità di eritrosedimentazione. Zeta.

Le voci quantitative del D-dimer in LOINC 2.17 sono le seguenti:

LOINC	COMPONENT	PROPERTY	EX_US_UNITS	TIME	SYSTEM	SCALE	METHOD
15129-0	FIBRIN D-DIMER	MCNC		PT	PPP	QN	EIA
30240-6	FIBRIN D-DIMER	MCNC		PT	PPP	QN	
3246-6	FIBRIN D-DIMER	ACNC		PT	PPP	QN	EIA
38898-3	FIBRIN D-DIMER	TITR	titer	PT	PPP	QN	
42727-8	FIBRIN D-DIMER	MCNC	ug/L	PT	CSF	QN	LA
7799-0	FIBRIN D-DIMER	ACNC		PT	PPP	QN	

Risultati D-dimer dell'American Proficiency Institute 2004 Testing Program

Queste tabelle suggeriscono alcuni dei problemi associati alla misurazione del D-dimer, in particolare l'inaccuratezza e l'imprecisione, ma mostra anche un opportuno esempio del problema in discussione: bioMerieux ha aperto la strada all'uso dell'acronimo FEU, ma i risultati bioMerieux sono mostrati nella prima tabella ug/L, piuttosto che nella seconda tabella ug/FEU/mL.

1. D-dimer (quan) (ug/L)**SAMPLE DQT-01**

Peer Group	# of Labs	Mean	SD	Range
Biomerieux Vidas, Mini/Biomerieux Vidas, Mini rgt	22	588.6	50.2	488-689
Coulter (IL) ACL/IL Test D-Dimer	34	301.1	40.8	219-383
Dade Stratus CS/Dade Stratus reagent	14	1036.8	67.2	902-1172
Sysmex CA Series/Dade Advanced D-Dimer	16	761.5	222.9	315-1208
Instrument Groups				
Biomerieux Vidas, Mini	22	588.6	50.2	488-690
Coulter (IL) ACL	34	301.1	40.8	219-383
Dade Stratus CS	14	1036.8	67.2	902-1172
Sysmex CA Series	16	761.5	222.9	315-1208
Reagent Groups				
Biomerieux Vidas, Mini rgt	22	588.6	50.2	488-690
Dade Advanced D-Dimer	17	761.5	222.9	315-1208
Dade Stratus reagent	14	1036.8	67.2	902-1172
IL Test D-Dimer	34	301.1	40.8	219-383
All Participants	97	455.6	225	5-906

2. D-dimer (quan) (ugFEU/mL)**SAMPLE DQT-01**

Peer Group	# of Labs	Mean	SD	Range
Diagnostica Stago STA/Diag. Stago STA Liatest D-DI	12	0.46	0.0699	0.32-0.6
Roche Integra/Roche Tina-Quant	10	0.457	0.1326	0.191-0.723
Instrument Groups				
Diagnostica Stago STA	12	0.46	0.0699	0.32-0.6
Roche Integra	10	0.457	0.1326	0.191-0.723
Reagent Groups				
Diag. Stago STA Liatest D-DI	12	0.46	0.0699	0.32-0.6
Roche Tina-Quant	11	0.4545	0.126	0.202-0.707
All Participants	26	0.4596	0.0968	0.266-0.654

Cockcroft-Gault formula for estimating creatinine clearance, Schwartz equation for Glomerular Filtration Rate and MDRD formulae

Autore: Gilbert Hill, MD, PhD with edits by Clement J McDonald, MD

Data: 20/11/2007

1 Stima della clearance della creatinina dalla creatinina sierica

1.1 Cockcroft-Gault - non regolato per la superficie corporea (BSA)

La formula Cockcroft-Gault viene utilizzata per stimare la clearance della creatinina dall'età, dal peso e dalla creatinina sierica.

L'articolo originale di questi due autori era Prediction of Creatinine Clearance from Serum Creatinine, Nephron 1976; 16: 31-41 da cui il nome. Si noti che la clearance della creatinina è un *proxy* della velocità di filtrazione glomerulare (GFR) e alcune impostazioni cliniche lo descrivono come un GFR stimato (vedere di seguito).

La formula di base senza normalizzazione per BSA è rappresentata nel database LOINC dal seguente termine:

35591-7 Creatinine renal clearance.predicted VRat Pt Ser/Plas Qn Cockcroft-Gault formula

E la formula è la seguente:

$$x = \frac{(140 - age) \times weight}{72 \times creatinine}$$

L'equazione mostrata richiede che il peso sia registrato in kg e la creatinina in mg/dL ed è valido per i pazienti di sesso maschile. Se la paziente è femmina, il risultato deve essere moltiplicato per 0,85.

Calcolatore web per creatinina in mg/dL: <https://www.mcw.edu/calculators/creatinine-clearance>

Se il peso del paziente è registrato in kg e la creatinina è riportata in umol/L, i risultati dell'equazione sopra devono essere moltiplicati per 1,23 per gli uomini e 1,04 nelle donne.

Calcolatore Web per creatinina in umol / L:

Da <http://www.syndpath.stvincents.com.au/other/CalcsCrClCGumol.htm>

1.2 Cockcroft-Gault - adattato alla superficie corporea

È ormai prassi comune che la clearance della creatinina calcolata con la formula Cockcroft-Gault sia normalizzata per una superficie corporea di 1,73 m².

In particolare, la formula modificata Cockcroft-Gault BSA viene utilizzata da molti dipartimenti di farmacia per l'aggiustamento del dosaggio dei farmaci.

Termini LOINC per la clearance della creatinina corretta dalla BSA						
35592-5	Creatinine renal clearance/1.73 sq M.predicted	VRat	Pt	Ser/Plas	Qn	Cockcroft-Gault formula, corrected for BSA
50380-5	Creatinine renal clearance/1.73 sq M.predicted.female	VRat	24H	Ser/Plas	Qn	Cockcroft-Gault formula, corrected for BSA
50381-3	Creatinine renal clearance/1.73 sq	VRat	24H	Ser/Plas	Qn	Cockcroft-Gault formula, corrected for BSA

	M.predicted.male					
--	------------------	--	--	--	--	--

2 Previsione diretta di GFR

2.1 Predizione basata sulla creatinina di GFR

2.1.1 Formula di Schwartz per pediatria

La formula di Schwartz viene utilizzata per prevedere la GFR in pediatria. L'articolo originale di GF Schwartz et al, è una semplice stima del GFR nei bambini che usano la lunghezza del corpo e la creatinina al plasma, Pediatrics 1976; 58: 259-263 è diventato più rilevante negli ultimi anni perché la formula MDRD (sotto) è specificamente dichiarato di NON essere applicabile ai pazienti di età inferiore ai 18 anni. La formula di Schwartz dipende dall'età, dal sesso, dall'altezza del corpo e dalla creatinina sierica.

L'equazione può essere dichiarata come segue:

Calcolatore GFR per bambini

Formula di Schwartz

$GFR (mL/min/1.73 m^2) = k (altezza)/creatinina \text{ sierica}$

- k = costante
 - k = 0,33 nei neonati prematuri
 - k = 0,45 nei neonati a termine fino a 1 anno di età
 - k = 0,55 nei bambini fino a 13 anni
 - k = 0,65 nei maschi adolescenti (non femmine a causa del presunto aumento della massa muscolare maschile. La costante rimane .55 per le femmine.)
- Altezza in cm
- Creatinina sierica in mg/dl

Web calculator for Schwartz Formula: https://www.kidney.org/professionals/kdoqi/gfr_calculatorPed

Termini LOINC per la formula Schwartz						
50384-7	Glomerular filtration rate/1.73 sq M.predicted	VRat	24H	Ser/Plas	Qn	Creatinine-based formula (Schwartz)

2.1.2 Variabili MDRD 4

L'equazione variabile MDRD 4 è l'equazione principale raccomandata dalle società di nefrologia professionale per stimare il GFR. Dipende dalla creatinina sierica, dall'età, dal sesso e dalla razza. Include anche un termine di adattamento della BSA di 1,73 - la superficie corporea media in un maschio adulto. (Le equazioni che incorporano altezza e peso possono essere utilizzate per correggere questa equazione quando i pazienti sono lontani dalla media in BSA - ma non sono usati abitualmente.)

Quanto segue è stato preso dal sito web NKF MDR il 4 dicembre 2006 (<http://www.kidney.org/professionals/KLS/gfr.cfm#2>):

Il National Kidney Disease Education Program (NKDEP) del National Institute of Diabetes and Diseases of the Kidney (NIDDK), National Kidney Foundation (NKF) e American Society of Nephrology (ASN) raccomandano di stimare il GFR dalla creatinina sierica usando l'equazione dello Studio MDRD.

Questa equazione dipende dall'età, dal sesso e dalla razza della creatinina sierica per stimare il GFR e quindi migliora alcune delle limitazioni con l'uso della sola creatinina sierica. L'equazione dello studio MDRD è stata rigorosamente sviluppata e convalidata ed è più accurata della clearance della creatinina misurata dalle raccolte di urina nelle 24 ore. L'equazione è:

$$\text{GFR} = 186 \times (\text{PCr})^{-1.154} \times (\text{età})^{-0.203} \times (0.742 \text{ se femmina}) \times (1.210 \text{ se vuoto})$$

Il GFR è espresso in ml/min/1,73 m². In questa equazione la creatinina sierica Pcr deve essere espressa in mg/dl e l'età in anni. (Naturalmente altre unità possono essere utilizzate se il lato destro dell'equazione sopra è moltiplicato per la costante appropriata). (tutto tratto dal sito web di NKF –

Calcolatore Web per MDRD: https://www.kidney.org/professionals/kdoqi/gfr_calculator

La velocità di filtrazione glomerulare prevista dalla formula MDRD può essere riportata in almeno tre modi:

- Tutte e quattro le variabili sono note e utilizzate nell'equazione. Il risultato sarebbe una clearance della creatinina adeguata alla razza e al sesso.
- Nell'equazione vengono utilizzate solo due variabili (creatinina sierica ed età). In tale circostanza, la relazione può:
 - includere un commento che dice: “se il paziente è di colore, moltiplicare il risultato per 1,21” e / o “se il paziente è femmina, moltiplicare il risultato per .742”, oppure
 - può includere due valori: N1 se bianco e N2 se di colore e un fattore di correzione per il sesso: se il paziente è femmina, moltiplicare il risultato per .742

Codici LOINC per la formula MDRD						
33914-3	Glomerular filtration rate/1.73 sq M.predicted	VRat	Pt	Ser/Plas	Qn	Creatinine-based formula (MDRD)
48642-3	Glomerular filtration rate/1.73 sq M.predicted.non Black	VRat	Pt	Ser/Plas	Qn	Creatinine-based formula (MDRD)
48643-1	Glomerular filtration rate/1.73 sq M.predicted. Black	VRat	Pt	Ser/Plas	Qn	Creatinine-based formula (MDRD)
50044-7	Glomerular filtration rate/1.73 sq M.predicted. Female	VRat	Pt	Ser/Plas	Qn	Creatinine-based formula (MDRD)

2.1.3 Variabili MDRD 6

Esiste una versione a sei variabili di MDRD. Questo dipende dai valori di albumina sierica e azoto sierico del paziente in aggiunta alle variabili MDRD-4, ma non è l'equazione preferita per questa stima.

$$\begin{aligned} \text{MDRD-GFR (ml/min/1.73 m}^2\text{)} \\ = 170 \times [\text{PCr}]^{-0.999} \times [\text{age}]^{-0.176} \times [0.762 \text{ if patient is female}] \\ \times [1.180 \text{ if patient is black}] \times [\text{SUN}]^{-0.170} \times [\text{Alb}]^{+0.318} \end{aligned}$$

Dove PCr = concentrazione sierica di creatinina (mg/dl) (metodo alcalino picrato); SUN=concentrazione sierica di azoto ureico (mg/dl) (metodo dell'ureasi); Alb=concentrazione sierica di albumina (g/dl) (metodo del verde bromocresolo).

Tratto da:

Stufe J, Lindley E, Barnfield M, Burniston T, Newstead C. MDRD equation estimates of glomerular filtration rate in potential living kidney donors and renal transplant recipients with impaired graft function. *Nephrol Dial Transplant.* 2002;17: 2036-2037.

2.2 Predizione basata sulla cistatina di GFR

Sebbene l'equazione MDRD, basata sulla misurazione della creatinina sierica, sia il metodo più ampiamente utilizzato per stimare il GFR, si afferma che un'alternativa, basata sulla misurazione della cistatina sierica, presenti alcuni vantaggi.

Estimating Glomerular Filtration Rate in Kidney Transplantation: A Comparison between Serum Creatinine and CystatinC-Based Methods, J Am Soc Nephrol 16: 3763–3770, 2005

Calcolatore web per GFR a base di cistatina: https://www.kidney.org/professionals/kdoqi/gfr_calculator

Codici LOINC per GFR previsto da una formula a base di cistatina						
50210-4	Glomerular filtration rate/1.73 sq M.predicted	VRat	Pt	Ser/Plas	Qn	Cystatin-based formula

Inducible Clindamycin Resistance in Staphylococcus and Streptococcus

Autore: David Baorto, MD, PhD

Data: 12/05/2011

Resistenza a macrolidi-lincosamide-streptogramina B (MLSb)

Esiste un fenomeno in base al quale l'organismo può sembrare sensibile ai lincosamidi come la clindamicina quando testata in vitro, ma l'esposizione a un macrolido appropriato (come l'eritromicina) può INDURRE la resistenza alla clindamicina. Questo meccanismo di resistenza comporta la metilazione del sito di legame dell'rRNA 23S che è condiviso da 3 classi di antibiotici (macrolidi, lincosamidi e streptogramine del gruppo B) e impedisce il loro legame con il sito e l'effetto che esercitano. Questo meccanismo di resistenza è noto (in breve) come MLSB.

Quando una delle metilasi ermiche viene prodotta in modo costitutivo, la resistenza è costitutiva e non richiede induzione. Tuttavia, in alcuni casi, la traduzione della proteina erm metilasi viene soppressa e viene attivata solo dopo il legame di un antibiotico macrolidico con sequenze a monte, che altera la conformazione dell'mRNA, consentendone la traduzione. Una volta che ciò si verifica, viene prodotto l'enzima metilasi attivo che metila il sito di legame per tutte e 3 le classi di antibiotici, prevenendo potenzialmente il legame di una di queste classi di antibiotici e inducendo la co-resistenza. Il rilevamento di questo modello di resistenza può essere rilevato fenotipicamente usando la diffusione del disco (Clindamicina indotta [suscettibilità] mediante diffusione del disco (KB), 42720-3).

Il rilevamento della presenza del gene ermA o ermC

L'enzima metilasi è codificato da uno dei geni erm, generalmente ermA o ermC in stafilococco, ermB in streptococco. Trovare ermA o ermC allo stesso modo indica la possibilità di resistenza sia all'eritromicina che alla clindamicina nello Staph (costitutivo o inducibile per la clinda), pertanto la segnalazione di entrambi i geni è stata combinata in alcuni saggi per indicare che uno dei due è stato rilevato (eritromina batterica + geni di resistenza alla clindamicina (ermA + ermC) [Presenza] mediante sonda e metodo di amplificazione target, 62258-9).

KIR Gene Family

Autore: David Baorto, MD, PhD

Data: 17/04/2011

Significato clinico

Le molecole KIR (recettore simile alle immunoglobuline delle cellule Killer), una nuova categoria di recettori dei linfociti, si trovano principalmente sulla superficie delle cellule natural killer (NK). Attraverso la loro interazione con le molecole HLA di classe I, modulano l'attività delle cellule NK, fondamentale per la capacità di quelle cellule di distinguere tra le cellule sane e quelle infette o trasformate. La famiglia di molecole KIR dimostra un'ampia diversità a livello genico, derivante da più geni e da più alleli. Come risultato di questo polimorfismo, è improbabile che il genotipo KIR sia identico tra gli individui (in un certo senso simile al loro ligando molecolare, HLA Classe I). La relazione tra genotipo KIR e malattia sta iniziando a essere chiarita ed è probabile che interagisca con l'HLA. Inutile dire che si tratta di un'area in crescita, ma ci sono prove che i geni KIR espressi in un individuo possano essere correlati alla suscettibilità alle infezioni (ad es. HCV, HIV), malattie autoimmuni e alcuni tumori. È importante sottolineare che il successo del trapianto di cellule ematopoietiche per alcune leucemie può essere strettamente legato al tipo KIR o alla compatibilità KIR ed essere un predittore aggiuntivo (con HLA).

Nomenclatura di geni e alleli KIR

I geni KIR sono stati classificati sotto la nomenclatura CD come un insieme di molecole CD158 (CD158a, CD158b, ecc.), Ma i nomi dei CD non sono comunemente usati perché non riflettono specificamente struttura, funzione e polimorfismo del gene. La nomenclatura del gene KIR usata frequentemente è sviluppata dal HUGO Genome Nomenclature committee (HGNC). Comprende oltre 15 geni e si basa sulla struttura molecolare. Iniziano tutti con "KIR", la cifra successiva è il numero di domini simili alle immunoglobuline, la prossima è "D" per dominio, la prossima è una descrizione della coda citoplasmatica, o "L" in breve, "S" in breve, o "P" per pseudogeni. L'ultima cifra è un numero intero per distinguere tra diversi geni KIR aventi la stessa struttura (ad es. KIR2DL1, KIR2DL2, ecc.).

Diversi alleli di un gene KIR sono nominati in modo simile a quello degli alleli HLA, con un asterisco che segue il nome del gene, seguito da cifre che indicano le differenze nelle proteine codificate e nelle regioni non codificanti.

Riferimenti

Marsh S G, Parham P, Dupont B, Geraghty D E, Trowsdale J, Middleton D, Vilches C, Carrington M, Witt C, Guethlein L A, Shilling H, Garcia C A, Hsu K C, Wain H. Killer-cell immunoglobulin-like receptor (KIR) nomenclature report, 2002. *Immunogenetics* 2003; 55(4):220-226. [PubMed: 12838378]

Parham P. MHC class I molecules and KIRs in human history, health and survival. *Nat Rev Immunol.* 2005; 5(3):201-214. [PubMed: 15719024]

Carrington M, Norman P. The KIR Gene Cluster. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); May 28, 2003. [PubMed: NBK10135]

Oxygen Saturation and LOINC®

Autori: Gilbert Hill and Clement J. McDonald

Data: 19/10/2007– Revisione: 09/07/2009

(Vedi NCCLS 46-A Blood Gas and pH Analysis and Related Measurements: Approved Guideline.)

1 saturazione di ossigeno

Il termine "saturazione di ossigeno" è spesso usato per indicare due quantità nettamente diverse, la saturazione di ossigeno nell'emoglobina (simbolo raccomandato = sO₂) e l'ossiemoglobina frazionata (simbolo raccomandato = FO₂Hb).

2 NCCLS 46-A definisce i due come segue:

2.1 Saturazione di ossigeno nell'emoglobina

Saturazione di ossigeno nell'emoglobina = la quantità di ossiemoglobina nel sangue espressa come percentuale della quantità totale di emoglobina in grado di legare ossigeno (cioè ossiemoglobina (O₂Hb) + deossiemoglobina (HHb)). Da notare che carbossiemoglobina (COHb), methemoglobin (MetHb) e Sulfhem (SulfHb), le cosiddette disemoglobine (dysHb) non sono in grado di legare l'ossigeno, quindi non sono incluse nel denominatore di questa frazione:

$$sO_2 = 100 \times O_2Hb / (O_2Hb + HHb)$$

Cosa più importante, alcuni strumenti, ad esempio il pulsossimetro, non sono in grado di captare le disemoglobine. Quindi segnalano sempre sO₂.

Questa quantità può essere definita "saturazione di ossigeno"; termini come saturazione di ossigeno "funzionale" o saturazione di ossigeno dell'emoglobina "disponibile" o "attiva", ma NCCLS non dovrebbero essere usati per nominare questa quantità.

2.2 Ossiemoglobina frazionata

Ossiemoglobina frazionaria = la quantità di ossiemoglobina espressa in percentuale dell'emoglobina totale (dove Hb totale = O₂Hb + HHb + [COHb + MetHb + SulfHb] presi tutti insieme O₂Hb HHb e le tre DysHb rappresentano l'Hb totale.

$$FO_2Hb = O_2Hb / tHb$$

Un punto chiave qui è che ci vuole una macchina più sofisticata per misurare l'ossiemoglobina frazionata di sO₂.

3 Quando non sono presenti disemoglobine (la solita situazione), sO₂ = FO₂Hb

4 Saturazione di ossigeno ottenuta misurando pH e pO₂

Una "saturazione di ossigeno" può anche essere ottenuta misurando pH e pO₂ e sostituendo i valori in una formula empirica per la curva di dissociazione dell'ossiemoglobina (equazione di Hill). Tuttavia, questo approccio calcolato è soggetto a molti tipi di errori e la "ossimetria" basata sulla spettrofotometria differenziale è ora il metodo di scelta.

5 Tre principali classi di ossimetria

Esistono almeno tre classi principali di ossimetria, comunemente note come:

- Pulsossimetria (o transcutanea) (sensore attaccato alla superficie corporea)
- Emossimossimetria (campione di sangue iniettato nello strumento)
- Co-ossimetria

Storicamente un coossimetro misura le emoglobine legate al monossido di carbonio e le altre due disemoglobine e può essere eseguita solo in laboratorio con un campione di sangue iniettato. Oggi (vale a dire, 2009) la maggior parte degli analizzatori di sangue da laboratorio misurano tutte e tre le disemoglobine e sono realmente coossimetri, ma potrebbero non essere nominate come tali.

Nel 2005 è stato immesso sul mercato un co-ossimetro a impulsi. Questo dispositivo riporta l'ossioglobina%, il monossido di carbonio% e l'indice di variabilità di Pleth; misura anche ciascuna delle disemoglobine. Quindi fornisce un'accurata saturazione frazionaria dell'ossigeno e informazioni sull'avvelenamento da CO.

6 strumenti utilizzati per pulsazioni ed emossimetria

Gli strumenti utilizzati per la base dell'impulso e dell'emossimetria si basano sui calcoli delle letture a due diverse lunghezze d'onda, il che significa che non riflettono la presenza di disemoglobine, e quindi il risultato che producono sarà sO₂ (componente LOINC Saturazione di ossigeno = saturazione dell'ossigeno dell'emoglobina NCCLS).

7 strumenti utilizzati per la co-ossimetria

Gli strumenti utilizzati per la co-ossimetria basano i risultati su calcoli da letture a 4-8 lunghezze d'onda diverse, il che significa che sono in grado di riflettere la presenza di eventuali disemoglobine, e quindi il risultato che producono sarà FO₂Hb (componente LOINC Oxyhemoglobin / Hemoglobin. = Ossioglobina frazionata NCCLS).

LOINC nominerà i suoi componenti secondo la raccomandazione NCCLS e applicherà i corrispondenti sinonimi NCCLS, ovvero sO₂ e FO₂Hb ai componenti, rispettivamente saturazione di ossigeno e frazione di ossigeno dell'emoglobina e includerà l'equazione di definizione (vedi sopra) per i termini che portano questi rispettivi componenti. Manterremo la saturazione di ossigeno come sinonimo di sO₂ e FO₂Hb in modo che i mappatori che potrebbero non conoscere i nomi ufficiali siano ancora in grado di trovare i termini.

LOINC utilizzerà la proprietà di MFR (frazione di massa) per identificare la proprietà di questi termini. Ci sarebbe solo una differenza impercettibile tra la rappresentazione numerica di questa quantità come un MFR rispetto a un SFR (sostanza o frazione molare). Per convenzione LOINC in questi casi utilizziamo MFR anziché SFR.

A seconda della precisione di denominazione del laboratorio, può essere difficile determinare se un risultato chiamato saturazione di ossigeno è in realtà un sO₂ o FO₂Hb. Gli altri test nel panel e l'inclusione dei nomi dei metodi nell'ordine o nella batteria del test e la fonte del termine (laboratorio clinico, laboratorio di cateterismo cardiaco, terapia respiratoria, infermieristica) forniscono tutte indicazioni per la mappatura. Ma potrebbe essere necessario contattare la fonte per essere sicuri in alcuni casi.

Se una batteria segnala sia un ossioglobina frazionata sia una saturazione di ossigeno, la situazione dovrebbe essere chiara. Se il metodo è co-ossimetria o la batteria include una misura separata di carbossioglobina (o una qualsiasi delle altre disemoglobine), segnerà un ossioglobina frazionata. Se il metodo è la pulsossimetria, allora avremo una sO₂. La maggior parte delle misure di gas ematico centralizzate e basate su terapia intensiva produrrà un ossioglobina frazionata.

Infine, negli Stati Uniti questi risultati sono quasi sempre riportati con unità di percentuale (%), ma questi risultati sono riportati come frazioni pure (ad esempio, il 20% diventa 0,2) in alcuni ambienti.

Nomenclature of Salmonella Species, Subspecies, and Serovars

Autore: David Baorto, MD, PhD

Data: 09/07/2011

La nomenclatura della Salmonella è complessa e ha causato confusione. Attualmente, con metodi molecolari, il genere Salmonella è noto per avere solo due specie: Salmonella enterica e Salmonella bongori. La Salmonella enterica è divisa in sei sottospecie, ognuna delle quali è ulteriormente suddivisa in numerosi sierotipi (o sierotipi) sulla base di test sierologici di antigeni somatici (O) e flagellari (H). I serovari sono quindi designati da una concatenazione formulaica degli antigeni, nota come "formula antigenica". I termini "serovar" e "sierotipo" sembrano essere usati in modo intercambiabile, tuttavia, è stata espressa una preferenza per il termine "serovar" dalla Association of Public Health Laboratories and the World Health Organization (che utilizza "serovar" nella sua documentazione). Di conseguenza, quello sarà il termine usato in questo documento.

Un numero significativo di quelli che oggi sono noti per essere serovar erano originariamente considerati specie distinte di Salmonella e quei nomi di specie divennero radicati nell'uso clinico comune. Di conseguenza, la nomenclatura della Salmonella si discosta da quella di altri batteri, che, per la maggior parte, non hanno nomi comuni assegnati ai serovar. (Anche il noto E. coli O157: H7 è conosciuto con la sua formula antigenica.) La Salmonella, d'altra parte, è composta da 2579 singoli serovar (documentazione dell'OMS del 2007), di cui circa 1400 hanno nomi comuni.

Qui diventa più complicato. Mentre sarebbe poco pratico sradicare i nomi comunemente usati per serovar importanti, la formattazione è usata per indicare che i nomi non sono quelli delle specie, generalmente NON in corsivo e invece capitalizzando la prima lettera del nome serovar come segue: "Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhimurium". Dal momento che tutti i serovar comunemente chiamati si trovano nella sottospecie enterica, tale designazione centrale può essere lasciata fuori, risultando nel nome "Salmonella enterico serovar Typhimurium".

Termini LOINC® associati alla sierotipizzazione della Salmonella

Salmonella sp identificato [Tipo] in Isolato (59846-6)

Questo codice ha una delle sette possibili risposte per differenziare le due specie e sei sottospecie nel caso dell'enterica. Quando eseguita dal CDC, la risposta deriva da una serie di circa 50 test biochimici e comprende sette possibilità:

Salmonella enterica subspecies enterica (type I)

Salmonella enterica subspecies salamae(type II)

Salmonella enterica subspecies arizonae(type IIIa)

Salmonella enterica subspecies diarizonae(type IIIb)

Salmonella enterica subspecies houtenae(type IV)

Salmonella bongori

Salmonella enterica subspecies indica(type VI)

Salmonella sp formula antigenica [identificatore] in isolato per agglutinazione (56475-7)

Questo codice ha un insieme discreto di oltre 2500 possibili risposte che rappresentano la formula antigenica concatenata dagli antigeni O e H e talvolta altri antigeni trovati dai test di agglutinazione. Questo codice ha lo scopo di riportare solo le formule antigeniche del serovar, non il nome comune per il serovar.

Il formato della formula antigenica dovrebbe generalmente contenere il tipo di sottospecie (I, II, IIIa, ecc.), quindi seguito da antigeni somatici (O), antigeni flagellari (H) di fase 1, antigeni flagellari (H) di fase 2, e altri antigeni separati da due punti. Quindi, una *Salmonella* di tipo IV (*Salmonella enterica* sottospecie *houtenae*) con O antigene 43 e H (fase 1) antigeni z36, z38 sarebbe riportata come "IV 43: z36, z38: -".

Salmonella sp serovar [Type] in Isolate (65756-9)

Questo codice ha lo scopo di segnalare una risposta finale per il serovar trovato, quindi ha un elenco di risposte di dimensioni simili a 56475-7. Riporterà il nome comune per la formula antigenica riportata da quel codice (se esiste un nome comune). Se non esiste un nome comune, verrà riportata la formula antigenica. In circa il 90% dei casi la formula antigenica riportata da 56475-7 verrà mappata in modo pulito su un serovar per riportare questo codice. Nel restante 10% dei casi, tuttavia, i serovar possono essere ulteriormente distinti anche alla luce di formule antigeniche identiche. Queste distinzioni possono comportare ulteriori test biochimici o talvolta ulteriori test sugli antigeni.

Segmented Neutrophils Versus Polymorphonuclear WBC

Autore: David Baorto, MD, PhD

Data: 17/04/2011

I neutrofili segmentati sono comunemente indicati come neutrofili polimorfonucleari, PMN o "polis". Pertanto, nell'uso comune il termine leucocita polimorfonucleare (o WBC polimorfonucleare) si riferisce ai neutrofili. Bisogna prestare attenzione nel codificare quest'area perché esiste un uso in base al quale tutti i granulociti, inclusi neutrofili, basofili ed eosinofili, possono essere indicati come cellule polimorfonucleari a causa della forma variabile dei loro nuclei. I basofili possono quindi essere definiti basofili polimorfonucleari (PMB), eosinofili come eosinofili polimorfonucleari (PME), oltre ai neutrofili (neutrofili polimorfonucleari, PMN).

Per ulteriori informazioni, consultare la seguente pagina di Wikipedia:
<http://it.wikipedia.org/wiki/Granulocyte>

Vitamin D

Autore: David Baorto, MD, PhD

Data: 19/02/2011

Riepilogo generale

La vitamina D è un proormone che è coinvolto nell'omeostasi del calcio e del fosfato, nella formazione ossea e nella regolazione immunitaria. La determinazione della vitamina D è complessa perché non è un singolo componente, ma ha due forme principali, ognuna delle quali ha diverse fasi metaboliche che portano a un prodotto finale attivo. La vitamina D3, nota anche come colecalciferolo, è la forma che si presenta naturalmente nell'uomo ed è prodotta nella pelle dei vertebrati dal 7-deidrocolcolesterolo esposto alle radiazioni UV B del sole. La vitamina D3 può anche essere ottenuta da alcuni prodotti animali dietetici e integratori. La vitamina D2, nota anche come ergocalciferolo, viene introdotta nell'uomo principalmente attraverso integrazione commerciale. È prodotto dall'irradiazione UV di ergosterolo, una sostanza presente in lieviti, muffe e alcune piante.

Nonostante le loro origini distinte, sia la vitamina D2 che la D3 condividono una struttura chimica simile, un'attivazione metabolica nell'uomo e presumibilmente anche una bioattività, sebbene la letteratura suggerisca che la vitamina D2 sia biologicamente inferiore. Le loro strutture differiscono solo per una catena laterale e le forme di partenza di entrambi nell'uomo, il colecalciferolo e l'ergocalciferolo, sono ormonalmente inattive. Entrambi subiscono idrossilazione in 25-idrossivitamina D (2 o 3) nel fegato, seguita da un'ulteriore conversione all'ormone attivo, 1,25-diidrossivitamina D (2 o 3) nel rene (o nella placenta durante la gravidanza). La 25-idrossivitamina D3 è anche nota come calcidiolo, mentre la forma attiva 1,25-diidrossivitamina D3 è anche nota come calcitriolo. È più difficile trovare forme di nome comuni per il gruppo della vitamina D2, sebbene IUPAC raccomanda l'ercalcitriolo per la forma attiva di D2 (vedere la tabella della nomenclatura).

Nome di base della "Vitamina D"	Nome comune
Vitamina D2	ergocalciferolo
Vitamina D3	colecalciferolo
25-idrossivitamina D2	-
25-idrossivitamina D3	calcidiolo
1,25-diidrossivitamina D2	ercalcitriolo
1,25-diidrossivitamina D3	calcitriolo

La misurazione del composto progenitore di vitamina D, D3 o D2, ha un valore clinico limitato poiché, con un'emivita di circa un giorno, il valore riflette l'esposizione o l'assorbimento del sole per lo più recenti (potrebbe essere di utilità nella valutazione dell'assorbimento da parte dell'intestino). Lo stato della vitamina D viene generalmente determinato misurando la forma intermedia di 25-idrossivitamina D, la principale forma circolante con un'emivita di 2-3 settimane. Se esiste un valore per distinguere il relativo contributo della 25-idrossivitamina D2 rispetto a D3 dipende dall'obiettivo. Comprendere lo stato della vitamina D richiede generalmente un numero totale; tuttavia, la necessità di valutare la risposta all'integrazione con vitamina D2, ad esempio, può essere aiutata con rapporti distinti su entrambe le forme. L'ormone attivo, 1,25-diidrossivitamina D (2 o 3), ha una breve emivita di 4-6 ore e la sua concentrazione è strettamente regolata.

Ciò lo rende un candidato scarso per la valutazione dello stato nutrizionale della vitamina D, sebbene la sua misurazione abbia utilità nella diagnosi differenziale di iper e ipocalcemia e disturbi ossei e minerali.

Un percorso metabolico alternativo nel rene produce una forma di 24,25-diidrossivitamina D. Questo è il metabolita diidrossilato più diffuso in circolazione, ma (a differenza delle forme 1,25-diidrossivitamina D), non è ormonalmente attivo. Il ruolo fisiologico della 24,25-diidrossivitamina D non è chiaro, anche se è stato suggerito che l'ormone attivo può auto-modularsi spostandosi verso questo percorso.

Parti specifiche

Vitamina D3

La vitamina D svolge un ruolo importante nel mantenimento dei livelli di calcio e fosfato e nella regolazione immunitaria, ma la sua determinazione è complessa a causa di intermedi metabolici multipli e due forme principali. La vitamina D3, nota anche come colecalciferolo, è il composto progenitore di una delle due principali famiglie di vitamina D (D2 e D3). La vitamina D3 è la forma di vitamina D prodotta endogenamente nella pelle dei vertebrati (compresi gli esseri umani) in seguito all'esposizione alla luce solare (in particolare ai raggi UV B). Può anche essere ottenuto da prodotti dietetici di origine animale o integratori alimentari. La vitamina D3, prodotta endogena o ingerita, è una forma di proormone che non è attiva fino all'ulteriore metabolismo dapprima a 25-idrossivitamina D3 (nel fegato), quindi infine a 1,25-idrossivitamina D3 (nel rene o nella placenta). La misurazione del composto progenitore di vitamina D, D3 o D2, ha un valore clinico limitato poiché, con un'emivita di circa un giorno, il valore riflette l'esposizione o l'assorbimento del sole per lo più recenti (potrebbe esserci un'utilità nella valutazione dell'assorbimento dall'intestino). Lo stato della vitamina D viene generalmente determinato misurando la forma intermedia di 25-idrossivitamina D, la principale forma circolante con un'emivita di 2-3 settimane. La necessità di valutare la risposta all'integrazione con vitamina D2, ad esempio, può essere aiutata con rapporti distinti su entrambe le forme.

Vitamina D2

La vitamina D svolge un ruolo importante nel mantenimento dei livelli di calcio e fosfato e nella regolazione immunitaria, ma la sua determinazione è complessa a causa di intermedi metabolici multipli e due forme principali. La vitamina D2, nota anche come ergocalciferolo, è il composto progenitore di una delle due principali famiglie di vitamina D (D2 e D3). La vitamina D2 è la forma di vitamina D che non viene prodotta endogena nella pelle. È prodotto dalle radiazioni UV dell'ergosterolo, che si verificano in muffe, lieviti e alcune piante, e la sua principale introduzione nell'uomo avviene attraverso l'integrazione commerciale. La vitamina D2 è una forma di proormone che non è attiva fino all'ulteriore metabolismo prima della 25-idrossivitamina D2 (nel fegato), quindi infine della 1,25-idrossivitamina D2 (nel rene o nella placenta). La misurazione del composto progenitore di vitamina D, sia D3 che D2, ha un valore clinico limitato poiché, con un'emivita di circa 1 giorno, il valore riflette l'esposizione o l'assunzione del sole per lo più recenti (potrebbe esserci un'utilità nella valutazione dell'assorbimento dall'intestino). Lo stato della vitamina D viene generalmente determinato misurando la forma intermedia di 25-idrossivitamina D, la principale forma circolante con un'emivita di 2-3 settimane. La necessità di valutare la risposta all'integrazione con vitamina D2, ad esempio, può essere aiutata con rapporti distinti su entrambe le forme.

25-idrossivitamina D, 25-idrossivitamina D2 e 25-idrossivitamina D3

L'intermedio 25-idrossivitamina D è il principale metabolita circolante della vitamina D con un'emivita di 2-3 settimane ed è la misura più utile dello stato della vitamina D. La determinazione della vitamina D è complessa a causa di intermedi metabolici multipli e due forme principali, vitamina D2 e D3. La mancanza di specifiche del modulo indica generalmente che entrambi sono inclusi. La vitamina D3 è la forma di vitamina D prodotta endogenamente nella pelle dei vertebrati (compresi gli esseri umani) in seguito all'esposizione alla luce solare (in particolare UV B), mentre la vitamina D2 viene prodotta dalle radiazioni UV dell'ergosterolo, che si verificano in muffe, lieviti e alcune piante e la sua principale introduzione nell'uomo avviene tramite integrazione commerciale, sebbene sia D3 che D2 possano essere inclusi come integratori. I metaboliti della 25-idrossivitamina D di entrambe le forme (noto anche come calcidiolo nel caso della D3) sono prodotti nel fegato dal composto progenitore corrispondente. Se esiste un valore nel distinguere il contributo relativo della 25-idrossivitamina D2 rispetto a D3 dipende dall'obiettivo. Comprendere lo stato della vitamina D richiede generalmente un numero totale; tuttavia, la necessità di valutare la risposta all'integrazione con vitamina D2, ad esempio, e altri casi specifici, può essere supportata con relazioni distinte su entrambe le forme.

1,25-idrossivitamina D, 1, 25-idrossivitamina D2 e 1, 25-idrossivitamina D3

1,25-idrossivitamina D è la forma fisiologicamente attiva della vitamina D. Quando attivata metabolicamente in questa forma, la vitamina D svolge un ruolo importante nel mantenimento dei livelli di calcio e fosfato e nella regolazione immunitaria. Aumenta l'assorbimento intestinale di calcio e fosforo e, in concerto con l'ormone paratiroideo, aumenta il riassorbimento osseo. Esistono due principali forme di vitamina D, ognuna delle quali può essere attivata in una forma 1,25-diidrossi (nota anche come calcitriolo nel caso di D3 e cme ercalcitriolo nel caso di D2). La vitamina D3 è la forma di vitamina D prodotta endogenamente nella pelle dei vertebrati (compresi gli esseri umani) in seguito all'esposizione alla luce solare (in particolare ai raggi UV B). Può anche essere ottenuto da prodotti dietetici di origine animale o integratori alimentari.

La vitamina D2 è la forma di vitamina D che non viene prodotta endogenamente nella pelle. È prodotta dalle radiazioni UV dell'ergosterolo, che si verificano in muffe, lieviti e alcune piante, e la sua principale introduzione nell'uomo avviene attraverso l'integrazione commerciale. La vitamina D, prodotta endogena o ingerita, è una forma di proormone che non è attiva fino all'ulteriore metabolismo prima da 25 idrossivitamina D3 (nel fegato), quindi infine all'idrossivitamina D3 attiva 1,25 (nel rene o nella placenta). L'ormone attivo, 1,25-diidrossivitamina D (2 o 3), ha una breve emivita di 4-6 ore e la sua concentrazione è strettamente regolata. Ciò lo rende un candidato scarso per la valutazione dello stato nutrizionale della vitamina D, sebbene la sua misurazione abbia utilità nella diagnosi differenziale di iper e ipocalcemia e disturbi ossei e minerali.

24,25-Diidrossivitamina D3

La 24,25-diidrossivitamina D3 è un composto strettamente correlato all'1,25-diidrossivitamina D3, la forma attiva della vitamina D3, ma (come la stessa vitamina D3 e la 25-idrossivitamina D3) è inattiva come ormone. È prodotta dalla 25-idrossivitamina D3 per via metabolica alternativa nel rene. Il ruolo fisiologico della 24,25-iidrossivitamina D non è chiaro, sebbene sia stato suggerito che l'ormone attivo possa automodularsi spostandosi verso questo percorso.

Riferimenti

Houghton, L A, Vieth R. The case against ergocalciferol (vitamin D2) as a vitamin supplement. American Journal of Clinical Nutrition 2006; 84 (4):694-697. [PubMed: 17023693]

Morris, H A. Vitamin D: A Hormone for All Seasons - How much is enough? Understanding the New Pressures. *Clinical Biochemist Reviews* 2005; 26(1):21-32. [PubMed: 16278774]

St-Arnaugh, R, Glorieux, F H. 24, 25-Dihydroxyvitamin D—Active Metabolite or Inactive Catabolite? *Endocrinology* 1998;139:3371-3374. [PubMed: 9681484]

IUPAC-IUB Joint Commission on Biochemical Nomenclature (JCBN). Nomenclature of vitamin D. Recommendations 1981. *Pure & Appl.Chem.* 1982; 54(8): 1511—1516.

Burtis, C A, Ashwood, E R. *Tietz Textbook of Clinical Chemistry*, 3rd ed.: Saunders; 1994. Wikipedia: http://en.wikipedia.org/wiki/Vitamin_D

Free Thyroxine Index Variants

Autore: David Baorto, MD, PhD

Data: gennaio 2012

Sebbene la misurazione diretta degli ormoni liberi sia recentemente diventata più diffusa, i metodi più vecchi per stimare i livelli di ormone libero attraverso la derivazione di un indice continuano a persistere. I metodi dell'indice comportano l'adeguamento della concentrazione totale dell'ormone tiroideo (TT4) per la capacità di legame tiroideo del siero (assorbimento di T3 o globulina TBG legante la tiroide) per fornire un indicatore o una stima del livello di ormone libero, indice di tiroxina libera (FTI).

Nel tempo e attraverso i laboratori questo calcolo è stato ed è stato fatto in diversi modi, producendo risultati diversi a volte con proprietà diverse. Ciò è dovuto principalmente alle distinzioni in ciò che è noto come "T-uptake". Ecco alcune varianti:

$$1. \text{FTI} = \text{TT4 (ug / ml)} \times \text{assorbimento T3 (\%)} / 100$$

a. Questo è stato talvolta notato lasciando la divisione da 100, ma non in pratica:

$$\text{FTI} = \text{TT4 (ug / ml)} \times \text{assorbimento T3 (\%)}.$$

$$2. \text{FTI} = \text{TT4 (ug / ml)} \times (\text{controllo dell'assorbimento T3} / \text{controllo dell'assorbimento T3}) \text{ (rapporto)}$$

a. Qui, "assorbimento di T3" utilizzato nel calcolo è in realtà il rapporto di legame dell'ormone tiroideo osservato in tutta la letteratura (THBR), il rapporto tra paziente e valori sierici di riferimento di assorbimento di T3.

$$3. \text{FTI} = \text{TT4 (ug / ml)} / \text{T unità di assorbimento (rapporto)}$$

a. Qui "unità di assorbimento T" è il rapporto tra il paziente e i livelli sierici di riferimento della globulina legante la tiroxina (TBG).

Note

- Nella variazione 1, l'assorbimento è una percentuale, mentre nelle variazioni 2 e 3 l'assorbimento è un rapporto senza unità normalizzato al controllo, noto in letteratura come rapporto di legame dell'ormone tiroideo (THBR).
- La variante 1 è apparentemente l'approccio di reporting utilizzato da Mayo, ARUP e LabCorp e da molti laboratori ospedalieri (come un grande ospedale di New York). Regola il T4 totale di un% di assorbimento di T3 (intervallo approssimativo 25-40%) e produce valori FTI spesso nell'intervallo approssimativo da 1 a 5 (adulti) e viene riportato come senza unità.
- La variante 2 è apparentemente l'approccio di reporting utilizzato da Quest Diagnostics-Nichols e alcuni laboratori ospedalieri (come un altro grande ospedale di New York), e la variante 3 apparentemente il metodo principale utilizzato da Abbott AxSYM (sebbene i valori possano essere convertiti).
- Le variazioni 2 e 3 regolano entrambe il T4 totale (TT4) di un rapporto riferito a un valore di controllo di 1, quindi FTI è numericamente nell'intervallo approssimativo della concentrazione di TT4 5 - 12 (adulti). Mentre di solito è riportato come senza unità, c'è un caso in cui si tratta davvero di una concentrazione TT4 aggiustata,

e in effetti il foglietto illustrativo Abbott AxSym (variazione 3 sopra) annota le unità di ug/dl per il suo valore FTI calcolato.

- THBR è un assorbimento normalizzato di T3 che rappresenta la quantità di T3 etichettata che NON ha trovato un sito di legame nel siero del paziente, il che significa che è INVERSA dei siti di legame disponibili. Al contrario, nel metodo AxSYM, le "unità di assorbimento T" sono un rapporto normalizzato di controllo di TBG, una misura proporzionale ai siti di legame. Ciò può spiegare il motivo per cui uno MOLTIPLICA e l'altro DIVIDE dal rapporto. Il TBG non è l'unica proteina legante l'ormone tiroideo, un'altra distinzione tra 2 e 3.
- Storicamente T3 anziché T4 è stato più comunemente usato come tracciante nei test di assorbimento per motivi pratici. T3 ha un'affinità inferiore per TBG, quindi più sarebbe disponibile per essere ripreso dallo scavenger e più facile da contare. Con tecniche non isotopiche, questo potrebbe essere un problema minore ed è stato suggerito che l'assorbimento di T4 sarebbe più appropriato per regolare la concentrazione di TT4. Esistono saggi di assorbimento T4.

Streptococcus pneumoniae serotype nomenclature

Autore: Swapna Abhyankar, MD

Data: maggio 2017

Lo streptococcus pneumoniae è un importante patogeno umano la cui virulenza si basa principalmente sulla sua capsula polisaccaridica, che lo protegge schermanandola dal sistema immunitario. Nel tempo, lo studio della capsula polisaccaridica ha identificato più sierogruppi e sierotipi. I sierotipi sono definiti in base alla struttura chimica e alle proprietà immunologiche del polisaccaride e ciascun sierogruppo contiene uno o più sierotipi che suscitano la stessa risposta anticorpale.

Nel tempo, sono nati due sistemi paralleli di denominazione dei sierotipi, uno negli Stati Uniti e uno in Danimarca. Inizialmente in LOINC, il nostro intento era creare termini basati sul numero di sierotipo degli Stati Uniti, ma ciò non era chiaramente indicato nel Componente. Con il passare del tempo, con l'aumentare del numero di sierotipi identificati, a cui sono stati assegnati nuovi numeri di sierogruppo, sierotipo statunitense e sierotipo danese, molti dei nostri termini esistenti sono diventati ambigui perché il numero nel Componente potrebbe potenzialmente rappresentare uno qualsiasi dei tre. Più recentemente, ci è venuto in mente che il sistema di denominazione danese è quello che è stato ampiamente adottato, anche negli Stati Uniti.

A partire dalla versione di giugno 2017, LOINC ha adottato il sistema di numerazione danese nel Componente per tutti i termini pneumococcici e include esplicitamente le parole "sierotipo danese" nel Componente. A tal fine, abbiamo deprezzato qualsiasi termine esistente che potrebbe essere ambiguo sul fatto che il numero nel Componente si riferisse al sierogruppo, al sierotipo statunitense o al sierotipo danese e lo abbiamo mappato su un nuovo termine per il corrispondente sierotipo danese (supponendo che il originale termine è stato, infatti, creato per rappresentare il sierotipo americano come indicato sopra). Per i termini esistenti in cui il Componente esistente potrebbe rappresentare solo il sierotipo statunitense (ovvero, non ci sono sierogruppi corrispondenti o sierotipi danesi con lo stesso numero), abbiamo aggiornato il Componente con il sierotipo danese corrispondente.

Nel campo RELATEDNAMES2, abbiamo incluso il corrispondente numero di sierotipo USA per ciascuno dei sierotipi danesi, nonché informazioni sul fatto che ciascun sierotipo sia incluso in ciascuno dei vaccini polisaccaridici a 23 valenti (PPSV23), vaccino pneumococcico coniugato 13-valente (PCV13), o vaccino pneumococcico coniugato 7-valente (PCV7), rispettivamente. Queste stesse informazioni sono fornite anche nella seguente tabella, sebbene si noti che la tabella non contiene tutti i sierotipi identificati, solo quelli per i quali esistono codici LOINC.

Numero sierotipo danese	Numero sierotipo statunitense	Vaccini che includono questo ceppo
1	1	PCV13, PPSV23
2	2	PPSV23
3	3	PCV13, PPSV23
4	4	PCV7, PCV13, PPSV23
5	5	PCV13, PPSV23
6°	6	PCV13
6B	26	PCV7, PCV13, PPSV23
7°	7	
7F	51	PCV13, PPSV23
8	8	PPSV23
9N	9	PPSV23
9V	68	PCV7, PCV13, PPSV23
10°	34	PPSV23

11B	43	PPSV23
12F	12	PPSV23
14	14	PCV7, PCV13, PPSV23
15B	54	PPSV23
16F	16	
17F	17	PPSV23
18C	56	PCV7, PCV13, PPSV23
18F	18	
19°	57	PCV13, PPSV23
19B	58	
19F	19	PCV7, PCV13, PPSV23
20°	20	
22F	22	PPV23
23°	46	
23F	23	PCV7, PCV13, PPSV23
33F	70	PPSV23

Riferimenti

Geno K A, Gilbert G L, Song J Y, Skovsted I C, Klugman K P, Jones C, Konradsen H B, Nahm M H. Pneumococcal capsules and their types: past, present, and future. Clinical Microbiology Reviews 2015; 28(3):871-899. [PubMed: 26085553]

Appendice H - Loinc Committee

Come segreteria, il Regenstrief Institute ha adottato una nuova struttura leggera e principi di governance per il LOINC Committee. Tali principi sono stati approvati all'unanimità dal Clinical LOINC Committee nella riunione di settembre 2017 e dal Laboratory LOINC Committee nella riunione di dicembre 2017.

Il LOINC Committee è composto dai membri dei suoi comitati compositi:

- Laboratory LOINC Committee
- Clinical LOINC Committee
 - Sottocomitato infermieristico
 - Sottocomitato Document Ontology
- LOINC/RadLex Committee

Le parti interessate possono richiedere formalmente l'inclusione in uno o più dei comitati compositi come individuo, organizzazione, Standards Development Organisation (SDO) o affiliata internazionale. Il modulo di domanda e i requisiti di iscrizione sono disponibili sul sito web LOINC all'indirizzo loinc.org/committee. Accogliamo con favore le domande per i nuovi membri che soddisfano i requisiti. L'adesione al comitato rimane gratuita.

Un elenco di membri del comitato LOINC è disponibile sul sito web LOINC all'indirizzo loinc.org/committee.

Allegato - LOINC/RSNA Radiology Playbook User Guide

1. Introduzione

Benvenuti nella LOINC/RSNA Radiology Playbook User Guide. Questo lavoro è il risultato di una collaborazione pluriennale tra il Regenstrief Institute e la Radiological Society of North America (RSNA), supportato dal National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering (NIBIB). I partecipanti hanno sviluppato un modello che combina e unifica gli aspetti utili di LOINC Radiology e RSNA RadLex Playbook. Entrambe queste iniziative terminologiche sono progettate per rappresentare concetti di radiologia quali gli ordinabili, i risultati e i loro attributi.

Ogni termine nel modello di Playbook unificato ha un nome (descrizione a.k.a.) e assume un numero di attributi. Questa guida ha lo scopo di descrivere la semantica, la sintassi e l'uso corretto di tali attributi. All'interno della terminologia, questi attributi vengono utilizzati come blocchi predefiniti per costruire diversi tipi di nomi standard, inclusi un nome completamente specificato, un nome lungo e un nome breve.

Di seguito è riportato un elenco degli attributi del Playbook. Gli attributi sono organizzati in base a gruppi di attributi, costituiti dalle voci di intestazione del punto elenco di seguito, e da attributi secondari più specifici, mostrati nei punti elenco secondari di seguito e indicati da un punto dopo il gruppo di attributi, come *Pharmaceutical.Route*.

- Modality
 - Modality.Modality Type
 - Modality.Modality Subtype
- Posizione anatomica
 - Posizione anatomica.Region Imaged
 - Posizione anatomica.Imaging Focus
 - Posizione anatomica. Lateralità.Presenza
 - Posizione anatomica.Lateralità
- Vista
 - Vista.Aggregazione
 - Vista.Tipo Vista
- Tempistica
- Manovra
 - Manovra. Tipo Manovra
- Farmaceutica
 - Farmaceutica.Sostanza data
 - Farmaceutica.Route
- Motivo dell'Esame
- Guida
 - Guida per.Presenza
 - Guida per.Approccio
 - Guida per.Azione
 - Guida per.Oggetto
- Soggetto

I capitoli che seguono forniscono una guida all'uso di ciascuno degli attributi di cui sopra.

1.1 Codici e flussi di lavoro

I codici di procedura di radiologia incidono su una varietà di flussi di lavoro nell'azienda sanitaria, tra cui ordini, pianificazione, fatturazione, specifiche del protocollo, acquisizione e interpretazione delle immagini, tra gli altri. In ogni caso, i codici hanno scopi specifici nell'identificazione degli esami di imaging. Sebbene vi sia una grande sovrapposizione tra questi flussi di lavoro, ci sono anche differenze importanti. Ad esempio, la fatturazione in radiologia si occupa spesso di una descrizione meno dettagliata di un esame di imaging, mentre il processo di un ordine di radiologia comporta spesso maggiori informazioni sullo studio richiesto.

Il lavoro del Playbook si è concentrato principalmente sull'affrontare le esigenze del flusso di lavoro per gli ordini di radiologia. Il modello semantico descritto in questo documento ha principalmente lo scopo di caratterizzare gli "ordinabili" di radiologia. Ciò solleva quindi la questione di cosa costituisca un esame ordinabile, un problema che è complicato da diversi fattori. In primo luogo, diverse istituzioni possono esporre diversi livelli di granularità nel punto di immissione dell'ordine di radiologia. Mentre si può considerare "TC Addome/Pelvi con contrasto" un'opzione appropriata in un sistema di inserimento ordini, un'altra istituzione potrebbe voler fornire la scelta "Addome/Pelvi con contrasto, massa epatica". In secondo luogo, in determinate circostanze, quali viene effettivamente eseguito per soddisfare una richiesta di imaging potrebbe non corrispondere esattamente alla procedura ordinata. Ad esempio, gli interventi guidati da immagini spesso comportano modifiche procedurali al momento dell'esame. In tali casi, è possibile inserire ordini modificati o aggiuntivi, anche se questi potrebbero non essere stati esposti nell'interfaccia di ordinamento clinica. In terzo luogo, alcune istituzioni hanno codici ordinabili separati per le interpretazioni degli studi eseguiti presso istituzioni esterne ("solo interpretazione").

Il modello mira a consentire il tipo di variazione sopra descritto, in modo da soddisfare ampiamente le esigenze dei flussi di lavoro degli ordini di radiologia in una varietà di istituzioni. Abbiamo discusso del concetto di "sola interpretazione" e abbiamo deciso di non creare una serie duplicata di ordinabili per le interpretazioni di film esterni. Invece, abbiamo creato un singolo codice LOINC, 86371-2 Interpretazione di studio esterno, che può essere utilizzata con il codice di studio primario per segnalare se lo studio da interpretare è stato eseguito presso un istituto esterno. Per quanto riguarda i fattori tecnici nell'acquisizione delle immagini, il DICOM Standards Committee³² sta svolgendo lavori correlati a un livello più granulare.

2. Sintassi

2.1 Operatori

Il modello utilizza diversi operatori logici (".", "+", ">", "&", "^", "()", "&&") per esprimere combinazioni di atomi.

2.1.1 "." (Punto)

Utilizzato per specificare il perfezionamento di un dato attributo o componente di attributo. Ad esempio, l'operatore punto può essere utilizzato con il componente Imaging focus dell'attributo Anatomic Location per specificare una messa a fuoco più granulare (ad esempio Ribs.lower). Per i sottotipi di modalità, viene utilizzato per indicare un determinato tipo di tecnica di imaging (ad es. "CT.angio").

2.1.2 "+" (più)

Utilizzato per combinare atomi, come gli atomi di Anatomia o Visualizza, con la semantica AND.

2.1.3 ">" (maggiore di)

³² http://dicom.nema.org/Dicom/News/oct2013/docs_oct2013/sup121_pc.pdf, Ultima consultazione [29/05/2020].

Utilizzato esclusivamente per separare la Region Imaged dal Imaging Focus.

2.1.4 “&” (e commerciale)

Utilizzato per separare le coppie Region Imaged e Imaging Focus quando viene rappresentata più di una posizione anatomica in più di una regione. In alternativa, può essere utilizzato come AND a bassa precedenza, come nell'attributo Timing WO & W, che ha una notazione combinata "prima e dopo".

2.1.5 “^” (Accento circonflesso)

Utilizzato principalmente per separare l'attributo Manovra dall'attributo Visualizza.

2.1.6 “()” (parentesi)

Utilizzato per indicare i collegamenti tra i valori di Manovra e Vista nel caso in cui vi sia più di una Vista. Aggregazione e/o Vista. Il tipo di vista esiste e la manovra (o le manovre) si applica solo a un sottoinsieme dei valori di vista.

2.1.7 “&&” (doppia e commerciale)

Utilizzato per indicare il parallelismo nei casi in cui è necessario specificare le relazioni tra valori tra più attributi. Nelle versioni precedenti il "&" era usato per il parallelismo, ma da quando abbiamo iniziato a usare "&" per separare le coppie di focus Imaging e Focus, abbiamo creato un nuovo delimitatore per il parallelismo al fine di distinguere i due concetti.

2.1.8 Precedenza

La precedenza dell'operatore, dalla più grande alla meno, è la seguente: “.”, “+”, “>”, “&”, “^”, “()”, “&&”.

2.2 Parallelismo

In circostanze selezionate, è necessario specificare più valori per due o più attributi o componenti specifici. In tali casi, le corrispondenze tra valori tra attributi o componenti possono essere modellate mantenendo un ordinamento coerente dei valori. Ad esempio, un esame radiografico delle costole spesso include una radiografia del torace. Le viste specifiche possono includere una vista AP (anteroposteriore) del torace e una vista obliqua delle costole. La molteplicità dell'attributo Posizione anatomica e dell'attributo Vista è modellato usando il parallelismo e l'operatore “&&”. Cioè, con Posizione anatomica Torace && Costole e Vista AP && Obliqua la corrispondenza appropriata tra Torace e AP nonché tra Costole e Obliqua viene mantenuta in virtù delle relative posizioni degli atomi (cioè, sia Torace che AP sono elencati per primi nei loro rispettivi attributi).

3. Modalità

3.1 Definizioni

Modalità viene utilizzata per rappresentare il dispositivo utilizzato per acquisire informazioni di imaging. Le modalità consistono prevalentemente in un sottoinsieme dei codici di modalità DICOM a due lettere. I codici modalità DICOM sono elencati in PS3.3, Sezione C.7.3.1.1.1 nella versione 2016 dello standard DICOM³³. Inoltre, il codice di modalità {modalità di imaging} viene utilizzato per indicare procedure guidate da immagini per le quali il tipo specifico di imaging non è esplicitamente modellato.

³³ <http://dicom.nema.org/medical/dicom/current/output/pdf/part03.pdf>, Ultima consultazione [29/05/2020].

Un sottotipo di modalità può essere elencato, separato da un “.”, Per indicare una configurazione particolarmente comune o evocativa della modalità.

Si noti che quando vengono specificati tali *sottotipi* di *Modalità*, il tipo di tecnica specificato viene incluso in uno studio, sebbene ciò non implichi necessariamente che lo studio sia costituito esclusivamente da quel sottotipo di imaging. Ad esempio, un esame con *Modalità* e *sottotipo* US.doppler non significa che è stata eseguita solo l'imaging Doppler. D'altra parte, XR.portable indica generalmente che sono state ottenute solo immagini “portatili”.

3.2 Note sull'utilizzo

1. Sottotipo angio: questo sottotipo viene utilizzato per le procedure progettate per fornire immagini angiografiche dei vasi (vasi sanguigni o linfatici). Questo non dovrebbe essere usato per US; dovrebbe, invece, essere usato Doppler. Angio non è sinonimo di somministrazione di contrasto perché alcuni studi angiografici di RM non richiedono la somministrazione endovenosa di contrasto.
2. Sottotipo di tomosintesi mammografica: questo sottotipo, noto anche come tomografia mammaria digitale (DBT), è un tipo di mammografia digitale che si distingue dal concetto di full field digital.MG (Mammografia digitale a pieno campo). La tomosintesi viene utilizzata per l'imaging tridimensionale, mentre la tipica mammografia digitale è bidimensionale. Le mammografie digitali 2D possono anche essere ricostruite in immagini 3D, ma queste non sarebbero classificate sotto MG.tomosintesi.
3. Sottotipi mammografici obsoleti: inizialmente abbiamo incluso MG.analog e MG.FFD nell'elenco dei sottotipi MG consentiti per specificare rispettivamente mammografia analogica e mammografia digitale, mentre MG senza sottotipo indicava una procedura che poteva essere eseguita con apparecchiature digitali o analogiche. Tuttavia, dato che negli ultimi anni la mammografia digitale è diventata una pratica standard, raccomandiamo andando avanti, non è necessario specificare FFD come sottotipo di MG. Invece, i codici MG LOINC generici dovrebbero essere usati per la mammografia 2D, che nella maggior parte dei casi saranno immagini digitali ma potrebbero includere anche immagini analogiche.
4. CR (radiografia computerizzata) vs DX (radiografia digitale) vs RG (imaging radiografico/ film-screen radiografico convenzionale): XR sarà adottato genericamente per indicare gli ordini di radiografia planare. Quando le immagini vengono acquisite, la modalità di imaging potrebbe voler inserire un codice di modalità più specifico nei file DICOM.
5. Sottotipo Doppler vs codici modalità DICOM DD (duplex Doppler) e CD (color flow Doppler): US. Doppler verrà utilizzato come attributo della procedura ordinabile. Quando le immagini vengono acquisite, la modalità di imaging potrebbe voler inserire un codice di modalità più specifico nei file DICOM.
6. Portatile indica se il dispositivo è mobile o se il paziente verrà nel reparto di radiologia per imaging.
7. SPECT verrà rappresentato come sottotipo di modalità della modalità NM (NM.SPECT) anziché utilizzare ST, il codice di modalità DICOM per SPECT.
8. Poiché non esiste un codice modalità DICOM per DEXA, DXA verrà adottato come codice modalità.
9. Quando uno studio di imaging coinvolge più di una modalità di imaging, “+” viene utilizzato per concatenare le due modalità, come PT + CT o NM.SPECT + CT. La modalità elencata per prima corrisponde all'area dipartimentale in cui si trova in genere il dispositivo. Ad esempio, PT + CT, non CT + PT
10. Per gli studi con due modalità che hanno attributi separati e vengono eseguiti consecutivamente (ad es. RF GI superiore con addome XR), “&&” viene utilizzato nel modello armonizzato e in LOINC per separare i valori di ciascun attributo, inclusa la modalità, per mantenere il parallelismo tra gli attributi, ad esempio XR && RF.Tuttavia, si noti che nella gerarchia delle modalità di imaging di Radiology Lexicon (RadLex), tali Modalità che vengono comunemente eseguite consecutivamente sono

rappresentate come una singola entità sotto il nodo delle modalità combinate utilizzando un “+”, ad esempio XR + RF.

11. La precedenza degli operatori è “.”, “+”, “&&” (gli altri delimitatori non sono usati nell'attributo Modalità).
12. Il sottotipo Modalità di perfusione indica che lo studio ha lo scopo di misurare la perfusione dei tessuti; se lo studio è progettato per l'immagine dei vasi, utilizzare il sottotipo Modalità angio.
13. Il 3D è una fase di elaborazione delle immagini e può essere eseguito su immagini da una varietà di modalità. Il suo uso è scoraggiato. Se adottato localmente, può essere utilizzato come mostrato nella sezione Motivo dell'esame.
14. Modalità {Modalità di imaging} viene utilizzata per fare riferimento a procedure guidate da immagini, in cui il tipo particolare di imaging utilizzato non è specificato nell'ordinabile. Ad esempio, le biopsie epatiche possono essere eseguite sotto la guida dell'ecografia o della TC, sebbene la particolare modalità utilizzata possa essere a discrezione dell'operatore. In tali casi, {Modalità di imaging} indica che l'ordine è indipendente dalla modalità.

3.3 Modalità consentite/Combinazioni di sottotipi

- CT
 - CT.angio
 - CT.scanogram
 - CT.densitometry
 - CT.perfusion
 - CT.portable
- DXA
 - DXA.densitometry
- MG
 - MG.tomosynthesis
 - MG.stereotactic
- MR
 - MR.angio
 - MR.functional
 - MR.spectroscopy
- NM
 - NM.dosimetry
 - NM.SPECT
 - NM.SPECT+CT
- PT
 - PT.perfusion
 - PT+CT
- RF
 - RF.angio
 - RF.video
 - RF.portable
- US
 - US.densitometry
 - US.Doppler
 - US.portable

- XR
 - XR.tomography
 - XR.portable
- {Imaging modality}

4. Posizione anatomica

Questo capitolo descrive come vengono utilizzati i termini anatomici per identificare la regione del corpo e il focus anatomico dell'imaging. Specifica inoltre la sintassi da utilizzare quando più termini anatomici si applicano a un determinato codice di esame e delinea come specificare la lateralità quando necessario.

4.1 Definizioni

L'attributo Anatomic Location (Posizione anatomica) specifica la parte del corpo o la regione del corpo che viene rappresentata e include i sotto-attributi, Region Imaged (area di immagine del corpo) e Imaging Focus (messa a fuoco di imaging). È necessario specificare la struttura anatomica più specifica. Posizioni anatomiche multiple possono essere specificate usando la sintassi specificata di seguito e dovrebbero essere specificate solo quando necessario per distinguere il codice da altri codici. I termini di Posizione anatomica sono generalmente tratti dalla gerarchia anatomica RadLex.

La regione di imaging viene utilizzata in due modi. In primo luogo, come descrittore a grana grossa dell'area riprodotta e grouper per la ricerca di esami di imaging correlati; o, è usato proprio come una grouper. Ad esempio, quando una TC addominale si concentra sul fegato, immagina l'addome nel suo insieme e sarebbe anche un confronto rilevante per altri esami CT addominali (ad esempio, TC renale), rendendo così l'addome un descrittore a grana grossa così come la grouper. Allo stesso modo, una TC della testa focalizzata sul cervello può anche essere un confronto rilevante per altri esami della TC della testa (ad es. Orbita CT), rendendola sia un descrittore che una grouper. In alternativa, per la maggior parte degli studi con estremità superiore o estremità inferiore come Region Imaged e un focus specifico sull'imaging, come polso o ginocchio, Region Imaged è solo una grouper, poiché in genere l'intera estremità non è rappresentata.

Imaging Focus è definito come un descrittore più dettagliato della struttura target specifica di un esame di imaging. In molte aree, l'attenzione dovrebbe essere un organo specifico. Ad esempio, in Region Imaged Addome, il focus sull'imaging potrebbe essere Fegato, pancreas, ghiandola surrenale, rene, ecc. In altre aree, il focus sull'imaging sarà semplicemente un'area più specifica all'interno di una data regione. Ad esempio, nell'estremità superiore con imaging della regione, il focus sull'immagine potrebbe essere spalla, parte superiore del braccio, gomito, avambraccio, polso, mano, ecc.

I nostri obiettivi sono di popolare entrambi i sotto-attributi Region Imaged e Imaging Focus per tutti i termini, tranne nei casi in cui la regione per immagini è al centro dello studio (vedere Sezione 4.2.1). Vincoleremo anche Region Imaged al seguente breve elenco di regioni:

- Testa;
- Collo;
- Petto;
- Seno;
- Addome;
- Bacino;
- Estremità;
- Estremità superiore;

- Estremità inferiore;
- Corpo intero (utilizzato quando Imaging Focus esiste in tutto il corpo e viene ripreso nella sua interezza, come ossa o midollo osseo);
- Non specificato (rappresentato in LOINC come XXX, utilizzato quando Imaging Focus esiste in più parti del corpo ma viene riprodotta solo un'istanza specifica, come un vaso sanguigno).

4.2 Sintassi e principi di modellazione

La sintassi utilizzata per descrivere l'attributo Anatomic Location è la seguente:

<immagine corporea> “>” <messa a fuoco dell'immagine>

Ad esempio, per una TAC addominale focalizzata sul fegato, la Posizione Anatomica sarebbe specificata come:

Addome> Fegato

4.2.1 Specificare Region(s) imaged senza Imaging focus

Se esiste un singolo contesto anatomico associato a un codice, deve essere specificato come <area di immagine del corpo> senza una <messa a fuoco di imaging>, ad esempio, per una TAC addominale, la Posizione anatomica sarebbe specificata come:

Addome

Quando più aree vengono visualizzate senza messa a fuoco, come la TC della testa e del collo, le due aree sono separate da un “+”:

Testa + collo

4.2.2 Fasi di imaging che attraversano le regioni del corpo

Alcuni Imaging foci attraversano più regioni del corpo, come la faringe, inclusa in entrambe le regioni di imaging di testa e collo. In questo caso, le regioni saranno separate da un “+” come segue:

Testa + collo> Faringe

4.2.3 Specifica di più posizioni anatomiche

Quando viene rappresentata più di una posizione anatomica, in cui ogni posizione ha una diversa Region imaged and Imaging focus, vengono separate da un “&” in base alla sintassi:

<body region imaged A> “>” <imaging focus A> “&” <body region imaged B> “>” <imaging focus B>

Ad esempio, uno studio del torace e dell'addome focalizzato sul polmone e sul fegato sarebbe specificato come segue:

Petto> Polmone e addome> Fegato

4.2.4 Ampia regione combinata con un focus specifico

In altre situazioni, un Imaging focus specifico in una Region imaged può essere ripreso contemporaneamente a una regione diversa ripresa senza focus. Considera un esame MRI del viso e del collo. Il volto è Imaging

focus della Region imaged Testa. Collo è una Region imaged aggiuntiva. In tali situazioni, la precedenza inferiore dell'operatore "&" rispetto all'operatore ">" viene utilizzata per combinare queste aree come segue:

Testa>Viso & Collo

4.2.5 Specifica dei termini senza una posizione anatomica

In alcuni casi, come i codici guida fluoroscopici, una specifica posizione anatomica potrebbe non essere rilevante, nel qual caso utilizziamo la Region imaged generale non specificata.

4.2.6 Parallelismo

In rari casi, uno studio complesso può richiedere il parallelismo per modellare correttamente. In questo caso, una doppia e commerciale viene utilizzata per separare gli elementi dello studio. Ad esempio, uno studio che consiste in PA e viste laterali del torace più 4 viste oblique delle costole di destra potrebbe essere rappresentato come con la seguente Posizione anatomica e Viste

Chest && Chest>Ribs.Right Views 2 PA+Lateral && Views 4 Right oblique

4.2.7 Precedenza dell'operatore

La precedenza degli operatori è “.”, “+”, “>”, “&”, “&&”. Per esempio:

Testa + Collo> Faringe

è equivalente a

(Testa + collo)> Faringe

4.2.8 Region imaged come grouper +/- descrittore a grana grossa

La natura dello studio dovrebbe chiarire se la Region imaged funziona sia come descrittore a grana grossa dell'area fotografata che come grouper o solo come grouper. Di seguito sono riportate ulteriori linee guida per aiutare gli utenti a prendere questa decisione:

1. In generale, quando la regione immaginata è la testa, il collo, il torace, l'addome o il bacino, è sia un descrittore a grana grossa che una grouper;
2. Per gli studi sulla colonna vertebrale, la Region imaged è in genere solo una grouper (questa è un'eccezione alla regola n. 1). Ad esempio, un esame C-colonna vertebrale avrà la posizione anatomica specificata come Collo> Spinale.cervicale, ma in genere l'esame si focalizzerebbe sulla colonna vertebrale e non includerebbe l'imaging generale del collo;
3. Quando la Region imaged è estremità superiore o estremità inferiore, in genere funziona solo come grouper.

4.2.9 Lateralità

Molti esami richiedono che sia specificata la lateralità per essere eseguiti. Questi esami verranno indicati con un attributo Anatomic Location.Laterality.Presence impostato su True. Per i termini con Laterality.Presence = True, l'attributo Laterality non deve essere nullo. I valori validi dell'attributo Laterality sono:

- Sinistra;
- Destra;
- Bilaterale;
- Unilaterale;

- Non specificato.

La pratica consigliata è quella di specificare una delle posizioni Sinistra, Destra o Bilaterale per Anatomic Location.Laterality ogni volta che Anatomic Location.Laterality.Presence = True. Se l'attributo Laterality.Presence è False, l'attributo Laterality deve essere nullo. La lateralità si applica alla parte anatomica più specifica associata al codice dell'esame.

4.2.10 Oggetto

Alcuni esami sono rilevanti solo per un feto o una gestazione. Questa distinzione sarà rappresentata quando necessario dall'attributo Subject.

4.2.11 Anatomia ectopica

L'anatomia ectopica, come un rene trapiantato, se necessario per distinguere un codice dell'esame, deve essere specificata come motivo dell'esame, non come luogo anatomico. La posizione anatomica corrisponde a dove si trova il rene trapiantato, ad esempio il bacino.

4.2.12 Terminologia anatomica nelle estremità

Nell'estremità superiore, il termine braccio superiore è preferito al termine "braccio". Anche se questi sono tecnicamente equivalenti, la ridondanza del braccio superiore offre maggiore chiarezza. La parte superiore del braccio è anche preferita rispetto all'omero per quest'area, poiché quest'ultima è specifica dell'osso e potrebbe essere interpretata come escludendo i tessuti molli. Allo stesso modo, nell'estremità inferiore, è preferibile la parte inferiore della gamba rispetto a "gamba", "polpaccio" e "tibia / fibula".

4.2.13 Singolare vs. plurale

Viene solitamente utilizzata la forma singolare di una struttura anatomica, tranne in alcuni casi specifici che si applicano principalmente al sistema vascolare, come indicato di seguito.

4.2.14 Singolare vs. plurale nel contesto del sistema vascolare

Per l'insieme di vasi associati a una particolare regione, organo o un gruppo specifico di vasi, usiamo il plurale "Vasi", "Vene" e "Arterie" per indicare "set di", ad esempio, i vasi surrenali o le arterie cerebrali. Un caso d'uso per tale pre-coordinamento è l'angiografia, ad esempio l'angiografia TC dei vasi renali avrebbe la seguente posizione anatomica:

Addome> Vasi renali

La forma plurale non implica lateralità, che è ancora specificata usando l'attributo Lateralità (vedi 4.2.9 - Lateralità). Ad esempio, Addome> Vasi renali.destra indica l'insieme di vasi renali che forniscono il rene destro.

I vasi con nome specifico usano la forma singolare, ad esempio la vena femorale e l'arteria mesenterica superiore.

Quando i vasi alle estremità sono ripresi per una ragione specifica, come il trattamento delle vene varicose, e ci sono diversi codici CPT per il trattamento di un singolo vaso e il trattamento di più vasi, usiamo la forma plurale per indicare il multiplo e abbiamo anche creato una forma singolare per rappresentare il trattamento di un singolo vaso anche se quel vaso non ha un nome, cioè vene di estremità e vena di estremità.

5 Vista

Questo capitolo descrive l'attributo Vista, che viene utilizzato per indicare l'orientamento del paziente nell'immagine. Ciò può riflettere una combinazione di posizione del paziente e direzione del raggio radiografico, oppure può essere catturato in alternativa in una vista denominata o omonima. Mentre questo più comunemente si riferisce alla radiografia (ad esempio una radiografia laterale del torace), può anche essere utilizzata con altre modalità (ad esempio TC prona del torace o uno studio RF.angio dell'aorta addominale con viste di deflusso). Valori di attributi come Runoff e Perfusion indicano che queste viste sono incluse nello studio ma non implicano che lo studio sia limitato solo a queste viste. Portable è specificato come parte dell'attributo Modalità anziché come Vista.

In molti casi, l'attributo Vista non verrà affatto specificato (ad esempio la risonanza magnetica del cervello) nel modello del Playbook. Tuttavia, si noti che nel modello LOINC, la parte Componente di tutti i termini di radiologia specifica il tipo di immagine acquisita in base alla modalità: Viste per XR, MG e NM e Multisection per MR, CT, US, NM.SPECT, PT e XR.tomography .

5.1 Definizioni

L'attributo Vista include attributi secondari opzionali, inclusi Aggregazione e Tipo di vista. Il componente Aggregazione è usato per descrivere l'estensione dell'imaging eseguita, sia in termini quantitativi (ad es. 3 o più viste) sia in termini soggettivi (ad es. Completo). L'uso di "Follow-up" come valore dell'attributo Aggregazione è sostituito dal valore Limitato.

Tipo di vista è usato per nominare viste specifiche, come Laterale o Prona. Il tipo di vista è un indicatore dell'orientamento del paziente in un'immagine, che spesso comporta un'implicazione del posizionamento passivo (ovvero un posizionamento che non è eccessivamente oneroso per il paziente). Ciò può riflettere una combinazione di posizione del paziente e direzione di imaging (ad es. Direzione del raggio di raggi X) e può essere racchiuso in un termine con nome o omonimo (ad es. Vista di Norgaard). Il posizionamento coinvolto nei tipi di vista è progettato per consentire la visualizzazione di obiettivi anatomici specifici o orientamenti particolari (ad esempio vista odontoidea a bocca aperta, vista del nuotatore). Si noti che questo posizionamento di solito non è passivo in senso stretto (cioè eseguito da qualcun altro), ma piuttosto passivo nel senso che non è né oneroso per il paziente, né inteso come uno sforzo per il paziente. Abbiamo considerato la creazione di un attributo separato per la posizione del paziente, tuttavia, dato che relativamente pochi termini avrebbero incluso questo attributo, abbiamo deciso di includerlo nel Tipo di vista.

5.2 Sintassi

La sintassi utilizzata per descrivere l'attributo Visualizza è la seguente:

<Aggregazione> <Visualizza tipo>

Ad esempio, per una radiografia del rachide cervicale con viste AP e laterali, la vista sarebbe specificata come:

Viste A + laterale

5.2.1 Aggregazione

Come indicato sopra, l'attributo Aggregazione è facoltativo e, se incluso, specifica l'estensione dell'imaging eseguito in termini qualitativi o quantitativi. I descrittori qualitativi includono concetti come Limitato, Completo e Più giorni. I valori di aggregazione quantitativa possono specificare un numero fisso o un intervallo di viste.

La sintassi per rappresentare maggiore o uguale e minore o uguale a un numero specifico di viste è rispettivamente "GE <#>" e "LE <#>". Tutti i seguenti sono esempi di aggregazione:

Views multiple areas

Views 2 or 3

Views GE 5

Quando il numero di viste è specificato per un esame bilaterale, il numero si riferisce al numero di viste per lato (ad esempio, XR Knee Bilateral 2 Views specifica 2 viste di ciascun ginocchio)

5.2.2 Tipo di vista

Negli studi che specificano un tipo di vista, è possibile specificare uno o più valori, separati da un “+”. Per esempio:

View lateral

Views PA + lateral

Views PA + lateral + R-oblique + L-oblique

5.2.2.1 Tipi di vista eponima

Le viste eponime implicano la posizione del paziente e la direzione del raggio, nonché la messa a fuoco anatomica. La messa a fuoco anatomica continuerà a essere specificata separatamente come descritto nel capitolo precedente, riconoscendo questa ridondanza.

5.2.2.2 Lateralità nella vista

La lateralità può essere facoltativamente specificata in determinate viste (ad es. “Laterale”, “Laterale destra” o “Laterale sinistra”). La lateralità specificata in questo caso indica la posizione del paziente rispetto al raggio, non il lato del paziente che viene ripreso, ed è quindi indipendente dal sotto-attributo Anatomic Location.Laterality.

5.2.3 Specificare di aggregazione e tipo vista

In molti casi, vengono specificati sia un'aggregazione sia uno o più valori Tipo di vista. Se il valore di aggregazione include i tipi di vista specificati, i due valori non saranno separati da un delimitatore. Tuttavia, se i tipi di vista si aggiungono al numero di viste specificato nel valore Aggregazione, i due valori sono separati da un “+”.

Ad esempio, 2 viste, inclusa una vista obliqua, sono rappresentate come:

Views 2 oblique

E 2 viste e un'ulteriore vista obliqua sono date da:

Views 2 + oblique

5.2.4 Parallelismo

A volte, è necessario il parallelismo per mostrare quali attributi sono associati a quali viste. Come descritto in precedenza, la doppia e commerciale (“&&”) viene utilizzata per mostrare il parallelismo. Ad esempio, un esame che includa una vista AP (antero posteriore) del torace e almeno tre viste della costola verrebbe modellato con i seguenti attributi Vista e Posizione anatomica:

Views GE 3 && View PA Chest>Ribs && Chest

Cioè, gli atomi Chest> Ribs and Views GE 3 formano un gruppo e Chest e View PA un altro gruppo. Si noti che questo parallelismo si basa su un ordinamento coerente di atomi per mantenere raggruppamenti adeguati.

6 Tempo

L'attributo Tempo/Esistenza può essere utilizzato insieme agli attributi Manovra e Farmaceutico. Questo attributo specifica l'esistenza di una manovra o di un prodotto farmaceutico o, in alcuni casi, l'esistenza di una manovra (o di un prodotto farmaceutico) e l'assenza dell'altra, ad esempio viste della colonna vertebrale toracolombare senza e con flessione laterale.

L'attributo Tempo/Esistenza può essere simultaneo:

WO

W

Una notazione combinata “prima e dopo” che denota serie separate di immagini:

WO & W

O descrivendo un'immagine presa in un momento specifico dopo la somministrazione del farmaco:

48H post

7 Manovra

7.1 Definizioni

Le manovre si riferiscono a una prova proposta a un paziente, spesso con l'obiettivo di chiarire o testare alcuni aspetti dinamici dell'anatomia o della fisiologia. Le manovre spesso implicano uno sforzo del paziente

(ad es. manovra di Valsalva), sebbene alcune manovre non comportino uno sforzo del paziente (ad es. stress cardiaco farmacologico). Tempo/Esistenza specifica l'esistenza di quella Manovra o, in alcuni casi, l'esistenza di una Manovra e l'assenza di un'altra. Ad esempio, le viste di flessione ed estensione della colonna cervicale vengono utilizzate per rilevare l'instabilità come indicato dai cambiamenti nell'allineamento spinale. Allo stesso modo, per valutare la scoliosi si possono eseguire viste della colonna vertebrale toracolombare senza e con flessione laterale. Le manovre inspiratorie ed espiratorie come parte dell'imaging toracico possono essere utilizzate per valutare i polmoni. Le manovre possono verificarsi in coppia (ad es. Flessione ed estensione).

Come sopra, questi fattori distinguono le manovre dalle azioni del paziente utilizzate esclusivamente per ottenere la prospettiva desiderata. Ad esempio, la radiografia assiale cross-table (o assiale vera dell'anca) richiede che il paziente sia disteso supino con la gamba controlaterale piegata e sollevata, sebbene lo scopo sia quello di ottenere un angolo laterale sull'anca piuttosto che testare la stabilità o il cambiamento dinamico. In tali casi, la posizione del paziente è rappresentata nel tipo di vista denominato (ad esempio Danelius Miller) come descritto nella sezione definizioni della Vista, anziché con una manovra.

In generale, i valori di Manovra, se inclusi, sono specificati insieme a un valore dell'attributo Tempo, come W o WO, simile ai prodotti farmaceutici come definito nel capitolo successivo. Se non viene specificata alcuna manovra, si presume che il paziente sia a riposo.

7.2 Sintassi

Le manovre sono separate dall'attributo Vista da “^” (un accento circonflesso o un “cappello”). Per impostazione predefinita, le manovre specificate si applicano a tutte le aggregazioni e tipi di vista che precedono il carato e viceversa. Ad esempio, nel primo esempio di seguito, W standing si applica alla vista laterale e, nel secondo, a entrambe le viste AP e laterale.

Nel terzo, Standing e Flexion si applicano entrambi alla vista PA:

View lateral^W standing

View AP+lateral^W standing

Views PA^W standing+W flexion

7.2.1 Manovre che si applicano solo a un sottoinsieme di aggregazione e/o tipi di vista

In alcuni casi, una determinata manovra o una serie di manovre si applicherà solo ad alcune aggregazioni o tipi di vista che sono specificati. In tali casi, le parentesi vengono utilizzate per indicare a quale aggregazione o tipo di vista è correlato la manovra. Ad esempio, uno studio che include 2 viste più una o più viste non specificate con standing è dato da:

(Views 2) + (views^W standing)

Un esempio più complicato è uno studio che ha due serie di Manovre, ognuna delle quali è correlata a un diverso tipo di vista:

(Views AP^W R-bending + W L-bending) + (view lateral^W flexion + W extension)

8 Farmaceutico

8.1 Definizioni

L'attributo farmaceutico specifica la presenza o l'assenza di agenti chimici rilevanti per la procedura di imaging. Usiamo questo attributo per specificare agenti di contrasto amministrati, radiofarmaci, farmaci o altri agenti e challenge clinicamente importanti durante la procedura di imaging.

8.2 Sintassi

La sintassi utilizzata per descrivere l'attributo Farmaceutico specifica diversi componenti opzionali:

<timing/existence><substance given><route>

Solo i componenti necessari per specificare il farmaco a un livello clinicamente importante sono inclusi nel valore dell'attributo.

8.3 Esempi

Usando questa sintassi, sarebbe indicata una specifica comune di “senza” contrasto e poi “con” contrasto IV :

WO & W contrast IV

In altri casi, il ritardo è un componente chiave:

48H post contrast PO

8.4 Specifica di più di un farmaco

La sintassi sopra può anche essere usata per specificare più di un farmaco che può influenzare la fisiologia delle immagini. Ad esempio, un test di stress cardiaco per medicina nucleare può comportare la somministrazione di un radiofarmaco e di un agente stressante come adenosina, dobutamina o regadenoson. L'elenco dei valori degli attributi conterrà solo singoli prodotti farmaceutici. Specifichiamo più istanze dell'attributo farmaceutico combinandole con “+”:

W adenosine + W radionuclide IV

W dipyridamole + W Tc-99m Sestamibi

8.5 Note d'uso

Alcuni prodotti farmaceutici saranno specificati in modo più completo di altri. Ad esempio, alcuni possono indicare la sostanza specifica:

W Tc-99m Sestamibi IV

mentre altri nominano una classe più generica:

W radionuclide IV

W anesthesia

8.5.1 Preferenza per nomi generici

Usiamo il nome generico di un farmaco, non il nome commerciale, ad esempio Tc-99m Sestamibi, non Cardiolite. Di solito includeremo il marchio o i nomi commerciali come sinonimi. In rari casi, utilizziamo il nome del marchio quando non esiste un modulo generico (ad es. Theraspheres).

8.5.2 Via (di somministrazione)

Laddove possibile, indichiamo la Via di somministrazione con abbreviazioni per le vie terapeutiche (Tabella 6 della LOINC Users' Guide). Una via di somministrazione orale sarebbe indicata da PO, una via endovenosa da IV.

8.5.3 Intra versus via

Nel descrivere la somministrazione del contrasto in spazi specifici per i quali non esistono abbreviazioni, lo spazio viene spiegato per intero e preceduto da intra o via in base a queste linee guida.

- Usiamo intra quando il contrasto iniettato va direttamente in uno spazio anatomico, e questo spazio è ciò che viene visualizzato nello studio. Per esempio:

W contrast intra lymphatic

- Usiamo via quando il contrasto iniettato passa attraverso un dispositivo o uno spazio anatomico nello spazio anatomico separato che viene visualizzato. Per esempio:

W contrast via catheter

W contrast via urethra

8.5.4 Esistenza versus Assenza

Il componente Existence (presenza) dell'attributo farmaceutico consente di specificare se l'imaging si verifica o meno in presenza dell'agente in cui l'esistenza è indicata con W, WO o WO & W. L'esistenza di WO & W indica immagini separate, senza e con il farmaco.

8.5.5 Relazione al sottoattributo Vista.Manovra

Come le manovre fisiche descritte nella sezione dell'attributo Vista, anche gli agenti farmaceutici hanno lo scopo di testare un aspetto dinamico dell'anatomia, con somiglianze nel modo in cui questi sono modellati. In alcuni casi, un esame può utilizzare l'uno o l'altro che hanno lo scopo di produrre una risposta anatomica simile (ad esempio, esercizio W o adenosina W). Laddove necessario, possono anche essere utilizzati insieme come attributi diversi del modello generale di termini. Ad esempio, nella defecografia, sono specificati sia una manovra che un contrasto:

W contrast PR & during defecation

8.6 Problemi

- [Decisione: SÌ] LOINC per cambiare il modello di ordine (WO e poi W).
- [Decisione: NO] Se la convenzione di esistenza dovesse essere cambiata nell'espressione completa più ridondante ma più chiara:
 - Contrasto WO IV & contrasto W IV.
- [Decisione: NO] I prodotti farmaceutici combinati dovrebbero essere elementi nell'elenco dei valori degli attributi?
- Esiste una specifica più aggiornata delle Vie di somministrazione? Non proprio. FHIR utilizza questa stessa tabella. Alcuni sono stati aggiunti in 2.3.1.
- [Decisione: SÌ] Dovremmo rimuovere l'importo dell'attributo secondario?
- Intra articolare -> IS (Intrasinoviale).
- Useremo le virgolette per tenere insieme parole separate all'interno di un attributo. Cercheremo convenzioni di denominazione per eliminare la necessità di questo. Convertiremo WO & W in WO&W.
- Includi i modificatori dalle Viste:
 - Uso obsoleto di “1 fase” in LOINC (è implicito se non indicato come 3 fase).
 - 3 fasi.
 - 30 M post.
 - 45M post.
 - Ritardato.
 - Runoff.

9 Motivo dell'esame

9.1 Definizioni

Il Motivo dell'esame viene utilizzato per descrivere un'indicazione clinica o uno scopo per lo studio. Ciò può riferirsi a una diagnosi del paziente, un'indicazione clinica, uno stato clinico (ad es. Post op), una misurazione prevista, un'anatomia alterata (ad es. Endograft) o qualche altro indicatore dello scopo dell'esame (ad es. Screening).

I termini Diagnostica e Screening vengono utilizzati come valori dell'attributo Motivo dell'esame e possono essere fonte di confusione per due motivi. Innanzitutto, la diagnostica è spesso considerata complementare allo screening, in tal caso i termini si riferiscono allo stato clinico del paziente (vale a dire, i pazienti asintomatici

vengono sottoposti a esami di screening, mentre i pazienti sintomatici vengono sottoposti a esami diagnostici). Tuttavia, la diagnostica viene spesso utilizzata anche nel contesto della mammografia, in tal caso è un indicatore delle viste da ottenere (in particolare, che possono essere eseguite viste aggiuntive non standard), non un indicatore dello stato dei sintomi del paziente. In entrambi i casi, la diagnostica si riferisce a un esame che viene eseguito allo scopo di ulteriore elaborazione. Qui abbiamo scelto di modellare questi termini come parte della semantica Motivo dell'esame, piuttosto che della semantica della Vista.

In secondo luogo, la questione del “per cosa” vengono fatti gli esami di screening e diagnostici può essere un'altra fonte di confusione. Qui, assumiamo la posizione in cui la risposta è generalmente compresa: Screening di mammografie per carcinoma mammario; screening di schermi per colonografia per tumore del colon. Inoltre, si noti che l'uso dei termini Diagnostica e Screening è inteso come limitato a quegli esami in cui sono necessari per distinguerli da qualche altro tipo di studio.

Usiamo anche l'attributo Motivo dell'esame per distinguere gli studi che vengono condotti principalmente in ambito pediatrico. Ad esempio, i codici per l'ecografia bilaterale dell'anca e l'ecografia cranica hanno entrambi il motivo dell'esame specificato come *Per la pediatria*.

Non creiamo codici separati con la pediatria come motivo per l'esame nei casi in cui lo stesso studio viene comunemente condotto sia nella popolazione adulta che in quella pediatrica. Ad esempio, “Head CT” verrà utilizzato sia per studi pediatrici che per adulti.

Si noti inoltre che *3D post processing* è inclusa qui come valore dell'attributo Motivo dell'esame. Questo si riferisce al rendering delle immagini fatto dopo l'acquisizione delle stesse. Alcune strutture fatturano per tali rendering, che possono essere utilizzati per la pianificazione chirurgica o altri scopi. Di conseguenza, questi rendering (almeno a volte) costituiscono un prodotto finale dell'esame e abbiamo quindi scelto di modellare tale elaborazione come motivo per l'esecuzione dell'esame. Mentre *3D post processing* può anche essere utilizzata semplicemente come strumento diagnostico nell'interpretazione delle immagini (e quindi non tecnicamente un motivo per eseguire lo studio), abbiamo scelto di modellare qui semplicemente qualsiasi descrizione del 3D post processing.

9.2 Esempi

		<Motivo(i)>
XR	Occhio	Corpo estraneo
MG	Petto	Diagnostico
MG	Petto	Diagnostico + Richiamo
US		Gravidanza + Meno di 14 settimane
US		Gestazione multipla + maggiore di 14 settimane
NM	Stomaco	Svuotamento liquido gastrico
CT	Cuore	Punteggio di calcio

9.3 Note

1. 17/10/2014: valori rimossi: “massa”, “ostruzione”, “pervietà”, “pre op”
2. 17/10/2014: valori aggiunti – “intra op”, “endograft”
3. 17/10/2014: “Gravidanza gemellare” sostituita da “gestazione multipla”.
4. “Richiamo” deve essere utilizzato solo in relazione alla mammografia.

10 Guida

10.1 Definizioni

L'attributo Guida viene utilizzato per descrivere gli interventi guidati da immagini. Tali procedure possono variare dal molto generale (ad esempio, “posizionamento dell'ago guidato da CT”) al molto specifico (ad esempio, “vertebroplastica lombare guidata da fluoroscopia, con biopsia ossea, livello aggiuntivo”).

Raccomandiamo di usare questi termini di intervento guidati dall'immagine per rappresentare sia la parte di imaging della procedura sia l'intervento stesso, quindi ad esempio, il termine per “posizionamento dell'ago guidato da CT” verrebbe usato per ordinare e riportare sia la guida CT sia il posizionamento dell'ago. Se ci sono casi d'uso per i quali sono necessari codici separati per ciascuno dei due aspetti, determineremo il modo migliore per modellare quei singoli concetti, ma fino a quando non riceveremo feedback dagli utenti su tali casi d'uso, continueremo a raccomandare l'uso di un singolo codice sia per l'imaging che per l'azione.

La guida all'imaging per le procedure è modellata con tre attributi secondari:

<Approccio> <Azione> <Oggetto>

L'approccio si riferisce alla via di accesso principale utilizzata, come Percutanea, Transcatetere o Transepatica. L'azione indica l'intervento eseguito, come Biopsia, Aspirazione o Ablazione. L'*Oggetto* viene utilizzato per specificare il bersaglio dell'azione, come Massa, Ascesso o Cisti. Per procedure complesse, gli operatori possono essere utilizzati per combinare istanze dell'attributo *Guida*.

Definizioni specifiche per determinate azioni e interventi:

- Aspirazione: prelievo di fluido con un dispositivo che viene rimosso al termine della procedura.
- Drenaggio: prelievo di fluido con un dispositivo che viene lasciato in posizione al termine della procedura.
- Toracentesi: drenaggio del liquido con posizionamento del tubo toracico.
- Artrocentesi: aspirazione di liquido da uno spazio articolare (ciò non include l'aspirazione dei tessuti molli che circondano l'articolazione).

10.2 Note d'uso

10.2.1 Guida per.Presenza

I codici di interventi guidati da immagini sono indicati con un valore dell'attributo Guida per.Presenza di Guida. Questo attributo viene utilizzato principalmente come indicatore del valore di uno o più attributi Guida per.Approccio, Guida per.Azione e Guida per.Oggetto.

10.2.2 Guida per.Approccio

L'attributo secondario Approccio verrà generalmente incluso nella specifica del codice formale. Per alcune procedure come l'aspirazione di fluidi o la biopsia, la via percutanea è la via “predefinita” e spesso assunta. I nomi delle procedure locali spesso non includeranno la parola “percutanea” nel nome. Ai fini della modellazione, includeremo Percutaneo nella specifica dell'attributo. Ma, per evitare “confusione” estranea, il nome visualizzato per il termine preordinato includerà l'approccio solo se abbiamo due varianti, una con percutanea e una con un'altra via.

In alcuni casi, “percutaneo” può far parte del percorso complessivo utilizzato per una procedura (ad es. “percutaneo transepatico”). In tali casi, verrà utilizzata la via principale o più evocativa (ad es. Transepatica).

10.2.3 Guida per.Azione

Il sotto-attributo Azione sarà generalmente richiesto per specificare adeguatamente una procedura guidata da immagini. Gli esempi includono: Posizionamento di; Sostituzione/Scambio di; Rimozione di; Riposizionamento di; Recupero di; Infusione di; Iniezione di; Localizzazione di; Verifica di.

Per le Azioni biopsia e aspirazione, nella maggior parte dei casi non è necessario specificare il nome del dispositivo utilizzato (ad es. ago, ago sottile, ago centrale) nel nome della procedura. Pertanto, per la maggior parte dei termini che includono le azioni biopsia o aspirazione, non includeremo informazioni sul dispositivo. In quei casi selezionati in cui un particolare tipo di dispositivo viene utilizzato per uno scopo specifico, tuttavia, includeremo le informazioni specifiche del dispositivo in questo attributo secondario. Ad esempio, l'aspirazione percutanea del fluido usando un ago sottile viene eseguita al fine di ottenere un campione per l'esame citologico, quindi per questo contesto faremo termini che abbiano aspirazione.ago sottile come Azione.

10.2.3.1 Aspirazione e drenaggio

Abbiamo adottato le definizioni di aspirazione e drenaggio dell'American College of Radiology e dell'American Medical Association come descritto sopra. Sulla base di tali definizioni, qualsiasi termine che specifica il drenaggio specificherà anche il posizionamento di un catetere di drenaggio e viceversa, come segue:

Guida per drenaggio + posizionamento del catetere di drenaggio

I termini che specificano il posizionamento del tubo toracico non sono richiesti per specificare anche il drenaggio poiché il posizionamento del tubo toracico può essere eseguito senza liquido drenante, ad esempio per i pazienti con pneumotorace.

10.2.3.2 Iniezione e blocco nervoso

Per termini che specificano un nervo o un insieme di nervi come focus Anatomico, come Nervo periferico o Plesso celiaco, l'azione dovrebbe essere il Blocco nervoso. Per coloro che hanno un focus più generico come Colonna lombare, è possibile utilizzare Iniezione.

10.2.4 Guida per.Oggetto

L'attributo secondario *Oggetto* specifica l'obiettivo dell'Azione e può rappresentare una varietà di concetti, incluso un dispositivo manipolato, una sostanza biologica o una lesione patologica. Gli esempi includono: catetere di drenaggio, tubo per nefrostomia, liquido cerebrospinale, calcolo, ascesso.

Si noti che l'attributo secondario *Oggetto* è facoltativo. Alcune procedure specificano un'Azione oltre a un *Oggetto*, mentre altre possono specificare solo un'Azione. Per esempio:

Guida per l'aspirazione

Guida per l'aspirazione del liquido cerebrospinale

A partire dalla versione 2.66 di LOINC, il LOINC/Radlex Committee ha concordato un elenco vincolato di valori per l'*Oggetto* associato alle Azioni di aspirazione e drenaggio al fine di prevenire un'esplosione di termini per concetti molto simili che a volte sono difficili da distinguere. Questo elenco contiene i concetti elencati di seguito.

Le richieste di nuovi valori più specifici saranno esaminate dal Comitato caso per caso.

- Fluido
- Ascesso
- Ematoma
- Cisti
- Liquido cerebrospinale
- Liquido amniotico
- Urina

Il comitato ha anche deciso che il catetere di drenaggio sarà l'*Oggetto* preferito per l'Azione di Posizionamento, ma saranno anche ammessi cateteri specifici come il tubo toracico e il tubo per nefrostomia.

10.2.4.1 Relazione tra Posizione Anatomica e Guida per.Oggetto

Per la maggior parte delle procedure, la regione del corpo o l'organo di interesse viene specificato al di fuori dell'attributo Guida, utilizzando l'attributo Posizione Anatomica. D'altra parte, quando esiste un sito specifico di patologia preso di mira da un intervento, questo viene modellato utilizzando l'attributo secondario Guida per.Oggetto. L'aspettativa è che quando vengono utilizzati normali identificatori anatomici come fegato o addome, questi vengano modellati utilizzando Posizione Anatomica. Quando viene descritto un sito di malattia come Massa o Ascesso, questo viene modellato utilizzando la Guida per.Oggetto.

In alcuni casi, non verrà specificata né la Posizione Anatomica né la Guida per.Oggetto (ad es. "US guided fine needle aspiration").

10.2.6 Attributo Modalità

L'attributo Guida verrà generalmente utilizzato insieme all'attributo Modalità. Ricordiamo che il codice di modalità {modalità di imaging} viene utilizzato per procedure guidate da immagini in cui non è specificata la particolare modalità di imaging (ad es. "Biopsia epatica guidata da immagini").

10.2.7 Specifica di più di una procedura

Sebbene non comune, la sintassi sopra può essere utilizzata anche per specificare più di una procedura ripetendo la tripletta degli attributi secondari (è da ricordare che è richiesto solo l'attributo secondario Azione).

Come definito nella sezione Sintassi (2.1), l'uso di "+" per unire due procedure significa congiunzione logica (cioè entrambe le procedure sono state eseguite).

Per esempio:

Guida per colangioscopia + rimozione del calcolo

10.3 Esempi

	<Anatomic Loc>	<Approach>	<Action>	<Object>
CT	Fegato	Percutaneo	Biopsia	
CT	Fegato	Percutaneo	Biopsia	Massa
{Imaging modality}		Percutaneo	Posizionamento	Drenaggio
{Imaging modality}		Percutaneo	Drenaggio	Ascesso
{Imaging modality}	Cistifellea	Transepatico	Posizionamento	Drenaggio

US		Percutaneo	Posizionamento	Catetere Venoso Centrale non tunnellizzato
{Imaging modality}		Percutaneo	Biopsia	
US	Spazio pleurico	Percutaneo	Drenaggio	
US	Tiroide	Percutaneo	Aspirazione	Fluido
{Imaging modality}		Percutaneo	Scambio	Tubo gastrointestinale

11 Soggetto

11.1 Definizioni

L'attributo *Soggetto* è destinato all'uso quando è necessario distinguere tra il paziente associato a uno studio di imaging e il target dello studio. Questa situazione può verificarsi in pazienti in gravidanza sottoposti a esami di imaging prenatale. Il potenziale di gestazione multipla motiva ulteriormente la necessità dell'attributo *Soggetto*, in quanto un esame può essere mirato a uno specifico dei feti. L'attributo *Soggetto* può essere utilizzato anche in casi di campioni chirurgici, come radiografie di campioni alla lumpectomia.